



## 特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(51) 国際特許分類 5 C12N 15/55, 9/80, 1/21 C12P 13/06, 13/08, 13/22		A1	(11) 国際公開番号 WO 94/03613
		(43) 国際公開日 1994年2月17日 (17.02.1994)	
(21) 国際出願番号 PCT/JP93/01101 (22) 国際出願日 1993年8月5日 (05. 08. 93)		高橋里美 (TAKAHASHI, Satomi) [JP/JP] 〒655 兵庫県神戸市垂水区神和台1-13-13 Hyogo, (JP)	
(30) 優先権データ 特願平4/212692 1992年8月10日 (10. 08. 92) JP 特願平4/340078 1992年12月21日 (21. 12. 92) JP		(74) 代理人 弁理士 青山 茂, 外 (AOYAMA, Tamotsu et al.) 〒540 大阪府大阪市中央区城見2丁目1番61号 ツイン21 MIDタワー内 Osaka, (JP)	
(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 鐘淵化学工業株式会社 (KANEGAFUCHI KAGAKU KOGYO KABUSHIKI KAISHA) [JP/JP] 〒530 大阪府大阪市北区中之島三丁目2番4号 Osaka, (JP)		(81) 指定国 AT (欧州特許), BE (欧州特許), CH (欧州特許), DE (欧州特許), DK (欧州特許), ES (欧州特許), FR (欧州特許), GB (欧州特許), GR (欧州特許), IE (欧州特許), IT (欧州特許), JP, KR, LU (欧州特許), MC (欧州特許), NL (欧州特許), PT (欧州特許), SE (欧州特許), US.	
(72) 発明者; および (75) 発明者/出願人 (米国についてのみ) 池中原裕 (IKENAKA, Yasuhiro) [JP/JP] 〒673 兵庫県明石市川崎町2番13-1037 Hyogo, (JP) 難波弘憲 (NANBA, Hirokazu) [JP/JP] 〒676 兵庫県高砂市高砂町沖浜町2-63 光雲寮 Hyogo, (JP) 高野昌行 (TAKANO, Masayuki) [JP/JP] 〒674 兵庫県明石市二見町東二見299-3-106 Hyogo, (JP) 矢島麗嘉 (YAJIMA, Kazuyoshi) [JP/JP] 〒654-01 兵庫県神戸市須磨区中落合1丁目1番413-305 Hyogo, (JP) 山田勇喜雄 (YAMADA, Yukio) [JP/JP] 〒675 兵庫県加古川市加古川町美乃利34-6 Hyogo, (JP)		添付公開書類 国際調査報告書 PCT規則第13条2に基づく、明細書とは別記の微生物の寄託に関する言及 国際事務局受理日 1993年8月20日 (20.08.93)	

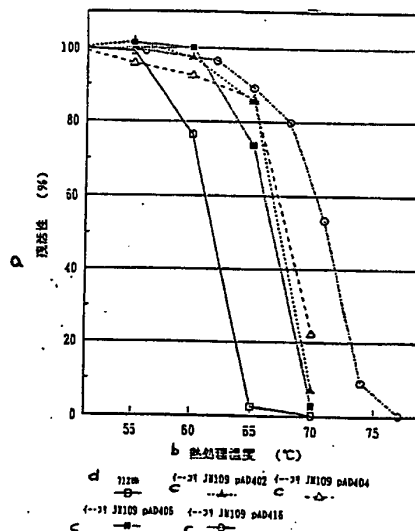
(54) Title : DNA CODING FOR DECARBAMYLASE IMPROVED IN THERMOSTABILITY AND USE THEREOF

(54) 発明の名称 耐熱性の向上したデカルバミラーゼをコードするDNAおよびその用途

- a ... Residual activity  
b ... Heat treatment temperature  
c ... *E. coli*  
d ... stocks

## (57) Abstract

A DNA fragment coding for a decarbamylase protein improved in thermostability as the result of replacement of at least one base of a DNA fragment coding for a decarbamylase protein originating in a microbe with another base and the resultant replacement of at least one of the corresponding amino acids; a process for producing the fragment; a vector containing the fragment; a transformant produced with the vector; a decarbamylase improved in thermostability; and a process for producing the decarbamylase. Also disclosed is a process for producing a D-α-amino acid which comprises decarbamoylating an N-carbamoyl-D-α-amino acid with a decarbamylase having a thermostable temperature of 65° or above in an aqueous medium.



(57) 要約

微生物由来のデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片の少なくとも1つの塩基が他の塩基で置換されて対応するアミノ酸の少なくとも1つが置き換えられたため耐熱性の向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片、その製造法、該DNA断片を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体、ならびに耐熱性の向上したデカルバミラーゼおよびその製造法を開示する。また、N-カルバモイル-D- $\alpha$ -アミノ酸を、耐熱温度が65℃以上のデカルバミラーゼの作用によって水性媒体中で対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換せしめ、生成したD- $\alpha$ -アミノ酸を採取するD- $\alpha$ -アミノ酸の製造法も開示する。

情報としての用途のみ

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第1頁にPCT加盟国を同定するために使用されるコード

AT	オーストリア	CS	チェコスロヴァキア	KR	大韓民国	PL	ポーランド
AU	オーストラリア	CZ	チェッコ共和国	KZ	カザフスタン	PT	ポルトガル
BB	バルバドス	DE	ドイツ	LI	リヒテンシュタイン	RO	ルーマニア
BE	ベルギー	DK	デンマーク	LK	スリランカ	RU	ロシア連邦
BF	ブルキナ・ファソ	ES	スペイン	LU	ルクセンブルグ	SD	スーダン
BG	ブルガリア	FI	フィンランド	LV	ラトヴィア	SE	スウェーデン
BJ	ベナン	FR	フランス	MC	モナコ	SI	スロヴェニア
BR	ブラジル	GA	ガボン	MG	マダガスカル	SK	スロヴァキア共和国
BY	ベラルーシ	GB	イギリス	ML	マリ	SN	セネガル
CA	カナダ	GN	ギニア	MN	モンゴル	TD	チャード
CF	中央アフリカ共和国	GR	ギリシャ	MR	モーリタニア	TG	トゴ
CG	コンゴ	HU	ハンガリー	MW	マラウイ	UA	ウクライナ
CH	スイス	IE	アイルランド	NE	ニジェール	US	米国
CI	コート・ジボアール	IT	イタリア	NL	オランダ	UZ	ウズベキスタン共和国
CM	カメルーン	JP	日本	NO	ノルウェー	VN	ヴェトナム
CN	中国	KP	朝鮮民主主義人民共和国	NZ	ニュージーランド		

## 明 細 書

耐熱性の向上したデカルバミラーゼをコードするDNAおよび  
その用途

## 技術分野

本発明はDNA断片、さらに詳しくは耐熱性の向上した、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸を対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換する酵素（以下、デカルバミラーゼという）をコードするDNA断片に関する。また、本発明は該DNA断片の製造法、該DNA断片を含むベクター、該ベクターで形質転換された形質転換体、耐熱性の向上したデカルバミラーゼおよびその製造法、ならびに該デカルバミラーゼを用いるアミノ酸の改良された製造法に関する。さらに、本発明はデカルバミラーゼの耐熱性に関与するアミノ酸の変異数を1つ以上増加させる方法に関する。

## 背景技術

光学活性なD- $\alpha$ -アミノ酸類は医薬中間体として重要な化合物であり、特に半合成ペニシリン類や半合成セファロスポリン類の製造中間体であるD-フェニルグリシン、D-パラヒドロキシフェニルグリシンなどが工業的に有用な化合物として挙げられる。このようなD- $\alpha$ -アミノ酸類の製造法としては、対応するD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸類のカルバモイル基を除去してこれらを得る方法が知られており、この際のカルバモイル基の除去は、化学的方法（特公昭58-4707号明細書）や微生物

の酵素反応を利用する方法（特公昭57-18793号明細書、特公昭63-20520号明細書、特公平1-48758号明細書および特願平2-407922号明細書）によって行なわれている。

ところが、該カルバモイル基の除去のために採用される化学的方法は、硫酸などの鉱酸を多量に使用するため、その処理などに関連して、環境上の問題が存在する。また、酵素反応を利用する方法は、酵素生産量が十分でなかったり、大量生産が可能となってもその性質面で難点があり、基質に対する反応性と酵素の安定性を兼ね備えた酵素は今までに見い出されていなかった。

一般に、酵素は安定性が良くない場合が多く、通常、その調製時に安定化剤を加えたり、低温で処理するなどの失活を防ぐ手段を用いている。そこで、常温または高温で酵素を実際に反応に用いる場合には、酵素の安定性が問題となり、特に工業的に用いる場合には、その安定性が生産物のコストに影響する場合が多い。また、特に工業的に用いる場合、酵素反応を有利に進める手段としては、固定化酵素や固定化菌体等のいわゆるバイオリアクターとして繰り返し、反応に用いることが行なわれているが、この際も、酵素の安定性によって使用回数が制限され、生産物のコストへの影響が大きい。

そこで、本発明では、酵素の安定性の1つの指標として耐熱性に着目し、遺伝子工学的手段を用いて酵素の耐熱性を向上させることにより、酵素の安定性を増加させ、工業的利用に有利な安定化酵素の作製を行った。

本発明は、このような課題を解決すべく、現在用いられているデカルバミラーゼを改良し、基質であるD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸に対する反応性が高く、かつ安定性にも優れたデカルバミラーゼを調製し、この酵素を用いてD- $\alpha$ -アミノ酸を効率よく生産することを目的とする。

### 発明の概略

すなわち、本発明は、デカルバミラーゼ遺伝子を含むDNA断片に化学的または酵素的な変異処理を行い、このDNA断片とベクターDNAを結合させた組換え体DNAを宿主細胞に導入し、耐熱性が向上した酵素生産株をスクリーニングした後、この遺伝子でエシェリヒア属、シュードモナス属、フラボバクテリウム属、バチルス属、セラチア属、コリネバクテリウム属またはブレヴィバクテリウム属に属する微生物から選ばれる宿主菌体を形質転換して得られる形質転換体の産生する該酵素の作用によって、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸を水性媒体中で対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換せしめ、生成したD- $\alpha$ -アミノ酸を採取するD- $\alpha$ -アミノ酸の改良された製造法を提供するものである。

したがって、本発明は、本発明の改良されたD- $\alpha$ -アミノ酸の製造を実施するためのDNA断片、その製造法および該断片を含む発現ベクター、該発現ベクターで形質転換された形質転換微生物ならびに耐熱性の向上したデカルバミラーゼおよびその製造法も提供する。さらに、本発明は、デカルバミラーゼの耐熱性に関与するアミノ酸の変異数を1つ以上増加させる方法も提供する。

### 図面の簡単な説明

以下、添付の図面を参照しながら、本発明を説明する。

図1は、本発明で得られる耐熱性の向上したデカルバミラーゼの生産株を用いる、熱処理後のデカルバミラーゼの耐熱活性を示すグラフである。

図2は、本発明で得られる耐熱性の向上したデカルバミラーゼを固定した樹脂を用いて、耐熱性について繰り返し連続試験した安定性

の結果を示すグラフである。

図3は、プラスミドpKK233-2およびpKK NEの制限酵素地図を示す。

図4は、プラスミドpAD108およびpAD1086の制限酵素地図を示す。

図5は、プラスミドpAD402およびpAD4021の制限酵素地図を示す。

図6は、プラスミドpAD429およびpAD455の制限酵素地図を示す。

図7は、イー・コリ JM109 pAD108及びイー・コリ JM109 pAD455が産生するデカルバミラーゼの反応温度と活性の関係を示すグラフである。

図8は、イー・コリ JM109 pAD416およびイー・コリ JM109 pAD455が産生するデカルバミラーゼのpHに対する安定性を示すグラフである。

図9は、外来遺伝子組み込み用ベクターpUC NTおよび耐熱性が向上したデカルバミラーゼ発現ベクターpNT4553の作成方法を示す。

図10は、プラスミドpUC NTおよびpNT4553の制限酵素地図を示す。

#### 発明の詳細な説明

一般に、酵素の耐熱性と安定性は相関することが知られており、好熱菌が生産する酵素は耐熱性の高い酵素であり、これらはほぼ例外なく安定性が高いことおよび遺伝子組換え技術によってアミノ酸を置換することにより耐熱化した酵素は、安定性にも優れていることなどが

知られている(香川ら、細胞工学、7巻、509～571(1988))。

酵素を耐熱化する方法としては、酵素蛋白のアミノ酸配列を変える方法と化学的処理や酵素反応等によって酵素を修飾する方法が考えられる。酵素蛋白のアミノ酸配列を変えることにより耐熱性を上げる方法としては、菌体をニトロソグアニジン(NTG)等の化学変異剤や紫外線などで変異させ、それをスクリーニングする方法と、遺伝子組換え技術を用いて、目的とする遺伝子を取り出してこれに化学的または酵素的に変異を起こさせ、その後、菌に戻してスクリーニングする方法などが考えられる。遺伝子を取り出して変異させる場合、変異に供するデカルバミラーゼの蛋白をコードするDNA断片は、一本鎖の状態で行うのがより効果的である。一本鎖の状態にするには、例えば、ファージ粒子に組込む方法などが用いられる。一本鎖DNAとしては、デカルバミラーゼの蛋白のアミノ酸配列に対応するコドンを含むDNA鎖でも、その相補鎖のいずれも使用することができる。また、変異部位についてみると、ランダムに変異を導入する方法と、部位特異的に変異を導入する方法が考えられる。

化学反応によって、ランダムに遺伝子を変異させ、酵素蛋白のアミノ酸配列を変異させる薬剤としては、塩酸ヒドロキシルアミン、亜硝酸ナトリウム、ギ酸、ヒドラジンなどが使用できる。

例えば、塩酸ヒドロキシルアミンを用いた変異では、まず、M13ファージ、例えば、M13mp19等の二本鎖DNAにデカルバミラーゼ遺伝子を連結し、イー・コリ(E. coli) JM109等に感染させて培養してファージ粒子を調製し、これを変異に用いる。変異反応は0.1Mから2M、望ましくは0.25Mの塩酸ヒドロキシルアミンを用い、そのpHは6.0から8.0、好ましくは6.0のものを用い、反応温度は37℃で、1時間から24時間反応させることにより

行い得る。この変異反応を行ったファージ粒子をイー・コリに感染させ、二本鎖組換えDNAとして回収して、変異デカルバミラーゼ遺伝子をプラスミドに移すことにより作製できる。

また、亜硝酸ナトリウム、ギ酸、ヒドラジンなどを用いる変異では、基本的には、マイヤース・アール・エム (Myers, R. M.) らの示す方法 (サイエンス (Science) 229、242~247 (1985)) を用いることができる。この方法は、デカルバミラーゼ遺伝子を組み込んだ組換えM13ファージより一本鎖DNAを調製し、これを変異処理することによって行なえる。亜硝酸ナトリウムでの変異は、濃度が0.5Mから2M、好ましくは1Mで、そのpHが酸性側、好ましくはpH4.3の亜硝酸ナトリウムを用い、反応温度が4℃から37℃、好ましくは25℃で、1分から5時間、好ましくは30分間反応させることにより行なえる。ギ酸による変異の場合、12Mギ酸を用い、4℃から37℃、好ましくは15℃で2分から10分間反応させることにより行なえる。また、ヒドラジンを用いた変異の場合、20%から60%濃度のヒドラジンを用い、25℃で3分から10分間処理することによって行なえる。これらの変異させた一本鎖DNAは、大腸菌DNAポリメラーゼクレノー (Klenow) フラグメントやSequenase<sup>®</sup>などを用いて二本鎖化し、プラスミドに組み込むことによって変異デカルバミラーゼ遺伝子を調製することができる。

また、酵素反応を用いるランダム変異の方法としては、PCR反応 (ポリメラーゼ連鎖反応) を用いる方法 (ルーング・ディー・ダブリュ (Leung, D. W.) ら、ア・ジャーナル・オブ・メソッズ・イン・セル・アンド・モレキュラー・バイオロジー (A Journal of Methods in Cell and Molecular Biology), 1, 11-15 (1989)) 等が挙げられる。これはTaqDNAポリメラーゼを用い、遺伝子の両



端の配列を持つ合成DNA（DNAプライマー）からそれぞれ遺伝子を合成させるものであり、この際の反応条件、例えば、通常の反応よりMgCl<sub>2</sub>濃度や基質（dNTPs）の濃度を上げたり、4種の基質のうち1種類のみの濃度を極端に低下させるなどの反応条件を用いて、TaqDNAポリメラーゼによる遺伝子合成に誤りを起こさせることにより、変異を有するデカルバミラーゼ遺伝子を調製することができる。

遺伝子の変異を酵素蛋白の部位特異的に導入する方法としては、オリゴヌクレオチドを用いる in vitro 部位特異的変異導入法、変異部位のカセット置換法、PCR反応を用いる方法などを挙げることができる。オリゴヌクレオチドを用いる in vitro 部位特異的変異導入法は、デカルバミラーゼ遺伝子を挿入したM13組換えファージより一本鎖DNAを調製し、変異させたい部分の変異後の配列を含む合成DNAプライマーを用いて、DNAポリメラーゼクレノー断片のような酵素を用いて二本鎖化し、イー・コリに導入することによって作製でき、これらの反応は、市販されているキット、例えば、宝酒造（株）の「Mutan<sup>TM</sup>-K」や「Mutan<sup>TM</sup>-G」、アマシャム・ジャパンの「オリゴヌクレオチドを用いた部位特異的 in vitro 変異体作製システム version 2.0」等を用いれば簡単に行なうことができる。変異部位のカセット置換法は、変異させたい部位を含む制限酵素断片を、変異を含む合成DNAでそっくり置き換えてしまうことによつて行なうことができる。PCR反応を用いる方法は、イトウら（Ito, W. et al.）ジン（Gene）102, 67～70（1991）の方法等に従って行なうことができる。この方法は変異を含む合成DNAプライマーと、遺伝子末端の合成DNAよりPCR反応を行ない、これを遺伝子全長のDNAとハイブリダイズさせた後、酵素により伸長させて、これらを全長を合成するPCR反応を再び行なうことによつて得るこ

とができる。

本発明では、以上のような方法で作製した変異デカルバミラーゼ遺伝子をpUC19やpKK-233-2などのプラスミドベクターにつなぎ換え、イー・コリ (E. coli)、例えば、JM109等へ導入し、抗生物質等を含む平板寒天培地上にコロニーを作らせる。ついで、このコロニーを滅菌した濾紙にレプリカして、平板培地は保存しておく。その濾紙を、乾燥後、リゾチームとTriton X-100を含む液に浸すか、アセトンドライアイス浴に出し入れ（凍結融解）を繰り返すことなどにより溶菌させる。ついで、この濾紙を、65℃、70℃などの温度に設定した湯浴中に一定時間、例えば、5分間浸し、乾燥後、デカルバミラーゼ活性によって発色させることができる反応液に浸す。この反応液は、カルバミル-D-アミノ酸を基質として含み、フェノール、4-アミノアンチピリン、D-アミノ酸オキシダーゼおよびパーオキシダーゼを含むもの等が使用できる。発色したコロニーを耐熱性獲得株として分離することができる。

まず、酵素の耐熱性を表わす指標として、耐熱温度を定義する。耐熱温度とは、10分間の熱処理で活性が50%失活した時の処理温度と定義する。デカルバミラーゼ遺伝子の採取源としては、通常、デカルバミラーゼを所有することの知られている微生物（例えば、国際公開番号WO92/10579に記載の微生物）が使用できる。各々の微生物のデカルバミラーゼの耐熱温度は異なるが、耐熱性を向上させて、反復使用に耐える優れた安定性を得るには、勿論、耐熱性以外の諸性質も考慮しなければならず、元来、耐熱温度の高い、例えば、60℃～63℃の耐熱温度を示すデカルバミラーゼを使用するのがよい。この観点からすれば、アグロバクテリウム・ラジオブクターKNK712 (FERM BP-1900) の生産するデカルバミラーゼが、

耐熱温度約62℃と比較的高いので好ましい。該KNK712のデカルバミラーゼおよびこれをコードするDNA断片は、配列表、配列番号1に記載のアミノ酸配列およびDNA配列を持っている。このデカルバミラーゼ遺伝子に前記の変異処理を施して得られた耐熱性の向上したデカルバミラーゼは、配列表、配列番号2～16に示すように、57番のヒスチジン、203番のプロリンまたは236番のバリンが他のアミノ酸と置換されたものであることがわかった。従って、耐熱性については、少なくとも3つの位置のアミノ酸が関与している。1つのアミノ酸の置換だけでなく、さらには2または3個のアミノ酸の置換を組み合わせると高い耐熱性を得ることもできる。本発明では、耐熱温度を少なくとも2℃以上、多くは約5℃以上、場合によっては、10℃以上上げることができた。

例えば、他のアミノ酸として、57番のヒスチジンをロイシンまたはチロシンに、203番のプロリンをロイシン、アスパラギン、グルタミン酸、スレオニンまたはセリンに、236番のバリンをアラニン、スレオニンまたはセリンに置換することによって、耐熱性の向上したデカルバミラーゼが得られる（配列表、配列番号2～30）。この耐熱性の向上したデカルバミラーゼをコードするDNA配列も57番のヒスチジンに対応する401番～403番のCATをTAT、CTTまたはCTAに、203番のプロリンに対応する839～841番のCCTをTCT、CTT、GAA、AACまたはACCに、236番のバリンに対応する938～940番のGTGをGCG、GCT、ACC、ACG、TCA、TCGまたはAGTに置換されたものが得られている（配列表、配列番号2～30）。一度、耐熱性に関与するアミノ酸が明らかになると、部位特異的な変異技術が可能であるので、種々の塩基に置換することにより、多くのアミノ酸に置き換えること

ができる。このようにして、耐熱性の向上したデカルバミラーゼをコードするDNA断片をさらに変異処理に付して、耐熱性を向上させることもできる。

アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM B P-1900) の場合、耐熱性に関与することが判明した57番のヒスチジン、203番のプロリンおよび236番のバリンの3つのアミノ酸のうち2個または3個のアミノ酸を変異させた誘導体 (多重変異体) は、例えば、以下のようにして作製される。

pAD108 (天然のデカルバミラーゼをコード) やpAD402 (57番目のHisがTyrに置換したデカルバミラーゼをコード) の遺伝子構造は、それぞれ図4および図5に示すように、SphIおよびSalIがデカルバミラーゼ遺伝子付近で重複しているので、PCR法によってデカルバミラーゼ遺伝子の開始コドン部位にNdeI切断点を作製する。こうすると、57番目のアミノ酸はNdeI-SacIの約190bp DNA断片上に存在し、203番目のアミノ酸はSalI-ClaIの約170bp DNA断片上に存在し、236番目のアミノ酸はClaI-SphIの約75bp DNA断片上に存在することになる。

多重変異体は、これらの無変異DNA断片を、耐熱性に関与するアミノ酸を変異させたDNA断片と置き換えることによって作製する。アミノ酸を変異させたDNA断片は、実施例3および8で得た形質転換体もしくは発現ベクターより調製する。

他方、デカルバミラーゼ遺伝子 (天然のもの、アミノ酸が1つ変異したもの) を含むNdeI-EcoRIの約1.6Kb DNA断片を、NdeI切断点を付与したpAD108やpAD402などから切り取り、NdeIとEcoRIの切断点を持つ適当なベクター、例えば、

実施例9および図3に示したpKK NE (図3に示したpKK233-2より調製) に挿入して、プラスミドを作製する (pAD108より図4に示すpAD1086、pAD402より図5に示すpAD4021など)。このプラスミドの上記3種のアミノ酸の無変異部位を含むDNA断片を、アミノ酸変異部位を含むDNA断片と置き換えることによって多重変異体の発現ベクターを作製する。

このようにして作製した多重変異体の耐熱性は、一般的には、単一の変異によって得られる耐熱性向上の度合に応じて相加的に向上している。3種のアミノ酸のうち2種以上のアミノ酸を変異させたデカルバミラーゼは上記の置換アミノ酸の組合せが可能である。

この方法は、アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) の場合に限らず、一般に、デカルバミラーゼ酵素の耐熱性をさらに向上させる場合に使用することができる。すなわち、上記の酵素を耐熱化する方法によって、アミノ酸の1つを置換して耐熱性の向上したデカルバミラーゼが数種類得られて、耐熱性に関与するアミノ酸部位が明らかになり、さらに、このアミノ酸を置換すると耐熱性が向上する他のアミノ酸が明らかになり、各々の耐熱性デカルバミラーゼに対応するDNA断片が得られている状況下では、下記の操作1)～5)によって耐熱性向上に関与する複数のアミノ酸部位が、同時に変異を受け (多重変異体)、耐熱性も相加的に向上したデカルバミラーゼを得ることができる。

1) 耐熱性に関与する各々1つのアミノ酸をコードするDNA部分を含むDNA断片を、各DNA断片ごとに切り出すことのできる制限酵素を探し出す。

2) 少なくとも1つのアミノ酸が変異した耐熱性デカルバミラーゼをコードするDNA断片またはこれを含むベクターから、1つの変異

アミノ酸部位をコードするDNA部分を含むDNA断片を、1)の制限酵素を使用して切り出す。

3) 同じ制限酵素を使用して、アミノ酸が未だ変異していない対応のDNA断片を、デカルバミラーゼをコードするDNA断片またはこれを含むベクターから切り出す。

4) 3)で対応のDNA断片を切り出した残りのDNA断片またはこれを含むベクターに、変異を受けている2)のDNA断片を挿入する。

5) 2)～4)の操作を必要に応じて反復する。

この一連の操作によって、耐熱性に関与するアミノ酸の変異数を1つ以上増やすことができる。

アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM B P-1900)の場合、2)のベクターとしては、配列表、配列番号2～30のDNA断片をpUC19に組み込んだ発現ベクターにNde I切断点を作製したものであれば、いかなるベクターも使用することができる。また、3)のデカルバミラーゼ遺伝子を含むベクターとしては、pAD4021、pAD1086の他、下記に列挙した上記発現ベクターの具体例のうち、耐熱性に関与する3カ所の部位が耐熱性の向上するアミノ酸ですべて変異されてしまっているデカルバミラーゼをコードするDNA断片を含むベクター（すなわち、3重変位を持つpAD426、pAD427、pAD454、pAD455、pAD456）を除くすべてのベクターにNde I切断点を作製したのから、pKK NEを使用してpAD4021と同じ操作で得たベクターなどが使用できる。また、制限酵素によって切り取られるDNA断片は、2)または3)のいずれの場合でも、Nde I-Sac I、Sal I-Cla I、およびCla I-Sph Iである。

デカルバミラーゼをコードするDNA断片、ベクターに組み込んだ発現ベクター、発現ベクターを宿主細胞に入れた形質転換体の調製は、例えば、国際公開番号WO92/10579に記載された遺伝子操作技術を用いることにより得ることができる。

配列表、配列番号2～34のDNA断片をpUC19またはpKK NEに組み込んだ発現ベクター、例えば、pUC19に組み込めば、pAD402、pAD404、pAD406、pAD416、pAD428、pAD429、pAD431、pAD434、pAD435、pAD439、pAD441、pAD445、pAD447、pAD448、pAD450、pAD451、pAD452、pAD453、pAD454またはpAD456が、また、pKK NEに組み込めば、pAD421、pAD422、pAD423、pAD424、pAD425、pAD426、pAD427、pAD461、pAD455が、さらに、pUC NT (図10上) に組み込めばpNT4553 (図10下) が得られる。耐熱性部位のアミノ酸の置き換えによって、上記の制限酵素による切断点は変化しないので、pUC19に組み込んだものはpAD429 (図6上) と同じ制限酵素地図を、pKK NEに組み込んだものはpAD455 (図6下) と同じ制限酵素地図を示す。これらの発現ベクターでエシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) JM109またはHB101を形質転換した、耐熱性の向上したデカルバミラーゼを生産する、次の形質転換体を得られた。

イー・コリ(E. coli)JM109 pAD402(FERM BP-3  
912)

イー・コリ JM109 pAD404 (FERM BP-3913)

イー・コリ JM109 pAD406 (FERM BP-3914)

イー・コリ JM109 pAD416 (FERM BP-3915)

イー・コリ JM109 pAD428

イー・コリ JM109 pAD429 (FERM BP-4035)

イー・コリ JM109 pAD431

イー・コリ JM109 pAD434

イー・コリ JM109 pAD435

イー・コリ JM109 pAD439

イー・コリ JM109 pAD441

イー・コリ JM109 pAD445

イー・コリ JM109 pAD447

イー・コリ JM109 pAD448

イー・コリ JM109 pAD450

イー・コリ JM109 pAD421

イー・コリ JM109 pAD422

イー・コリ JM109 pAD423

イー・コリ JM109 pAD424 (FERM BP-4034)

イー・コリ JM109 pAD425

イー・コリ JM109 pAD426

イー・コリ JM109 pAD427

イー・コリ JM109 pAD451

イー・コリ JM109 pAD452



イー・コリ JM109 pAD453  
イー・コリ JM109 pAD461  
イー・コリ JM109 pAD454  
イー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036)  
イー・コリ JM109 pAD456  
イー・コリ JM109 pAD468  
イー・コリ JM109 pAD469  
イー・コリ JM109 pAD470または  
イー・コリ HB101 pNT4553 (FERM BP-4368)

これらの改良型デカルバミラーゼは、ベクターの強力なプロモーターの下流にその遺伝子を挿入することにより、形質転換株の目的酵素生産量を上昇させることができる。

形質転換株は通常の栄養培地に培養することにより導入した組換え体DNAの形質を発現させることができる。組換え体DNAに遺伝子DNAまたはベクターDNA由来の性質が付与されている場合は、その性質に合わせて培地に薬剤を補ってもかまわない。

このようにして得られた形質転換株を酵素源として得るには、通常の培地を用いて培養を行えばよいが、必要に応じてヒダントイン化合物、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸、イソプロピル-1-テオ- $\beta$ -D-ガラクトサイド (IPTG) などの添加、温度上昇など、酵素誘導のための処理を行なうこともできる。

形質転換株の培養のために用いられる培地は、通常、炭素源、窒素源および無機イオンを含有する普通の培地であってよい。これにビタミン、アミノ酸などの有機微量栄養素を添加すると、好ましい結果が得られる場合が多い。炭素源としては、グルコースやシュクロースのような炭水化物、

酢酸のような有機酸、アルコール類などが適宜使用される。窒素源としては、アンモニアガス、アンモニア水、アンモニウム塩などが用いられる。無機イオンとしては、リン酸イオン、マグネシウムイオン、カリウムイオン、鉄イオンなどが使用されてよい。

培養は好氣的条件下にpH 4～8、温度25～45℃の適当な範囲に制御しつつ、1～10日間培養を行えば望ましい結果が得られる。形質転換株の産生する酵素を作用する態様としては、当該転換株の培養液、菌体、菌体処理物、菌体から抽出した酵素、固定化菌体などを挙げるができる。

菌体としては、培養終了後の培養液そのまま、培養液より分離された菌体、洗浄された菌体などいずれも使用可能である。菌体処理物としては凍結乾燥菌体、アセトン乾燥菌体、トルエンや界面活性剤と接触させた菌体、リゾチームで処理した菌体、超音波にさらした菌体、機械的に磨砕した菌体などの他、これら菌体の処理物から得られたD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸の当該カルバモイル基を除去して対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換する酵素活性を有する酵素抽出液、さらにはこれらの菌体の固定化物、菌体処理物の不溶化物、酵素蛋白の固定化用担体（例えば、陰イオン交換樹脂）への固定化物などが使用できる。なお、固定化法については、例えば、特開昭63-185382号明細書が参考になる。

固定化に使用される支持体としては、デュオライト (Duolite) A568またはDS17186（ローム・アンド・ハース社：登録商標）などのフェノールホルムアルデヒド陰イオン交換樹脂、アンバーライト (Amberlite) IRA935、IRA945、IRA901（ローム・アンド・ハース社：登録商標）、レワタイト (Lewatit) OC1037（バイエル社：登録商標）、ダイアイオン (Diaion) EX-05（三菱化成工業

：登録商標）などのポリスチレン樹脂のような各種アミンやアンモニウム塩あるいはジエタノールアミン型の官能基を持つ各種の陰イオン交換樹脂が適している。その他、DEAE-セルロースなどの支持体も使用することができる。

さらに、酵素の吸着をより強固かつ安定にするため、通常、架橋剤を用いるが、好適な例として、グルタルアルデヒドを挙げることができる。使用する酵素は、精製酵素だけではなく、部分精製酵素、菌体破砕液、無細胞抽出液など種々の精製度のものが使用できる。

固定化酵素の調製は酵素液と支持体に酵素を吸着後、架橋処理をする等の通常の調製法が使用できる。

本発明における酵素反応の基質となるD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸は、式： $R-CH(NHCONH_2)-COOH$ で表わされるが、実際に反応に供する態様としては、使用する酵素がD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸に対し厳密な立体選択性を持つ場合には、D-体として、あるいはD-体とL-体の混合物として使用することができる。また、酵素がL-カルバモイルアミノ酸にも作用して立体選択性の厳しくない場合や、L-体にも作用する酵素の混合物として使用する場合には、D-体のみを使用し、生成する $\alpha$ -アミノ酸がD-体となるように配慮するのが好ましい。

置換基Rは、特公昭57-18793号明細書、特公昭63-20520号明細書、特公平1-48758号明細書などに述べられているように広範囲にわたることができるが、特に、医薬中間体のように産業上有用な化合物を与えるためには、Rがフェニル基、水酸基で置換されたフェニル基、アルキル基、置換アルキル基、アラルキル基またはチエニル基であるのが好ましい。水酸基で置換されたフェニル基の場合、水酸基は1つもし

くはそれ以上であって、o、m、pいずれの位置に置換していてもよいが、p-ヒドロキシフェニル基が代表的である。アルキル基は炭素数1~4であって、対応するアミノ酸がD-アラニン、D-バリン、D-ロイシン、D-イソロイシンなどとなる基である。置換アルキル基は炭素数1~4のアルキル基が水酸基、アルキルチオ基、カルボキシ基、アミノ基、フェニル基、水酸基で置換されたフェニル基、アミド基などで置換されたものであって、対応するアミノ酸がD-セリン、D-スレオニン、D-メチオニン、D-システイン、D-アスパラギン、D-グルタミン、D-チロシン、D-トリプトファン、D-アスパラギン酸、D-グルタミン酸、D-ヒスチジン、D-リジン、D-アルギニン、D-シトルリンなどとなる基である。アラルキル基は炭素数7~8の例えばベンジル、フェネチル基であって、対応するアミノ酸がD-フェニルアラニンなどとなる基である。

水性媒体としては、水、バッファー、エタノールのような有機溶媒を含むものが使用できる。さらに必要に応じて、微生物の成育に必要な栄養素、抗酸化剤、界面活性剤、補酵素、ヒドロキシルアミン、金属などを水性媒体に添加することもできる。

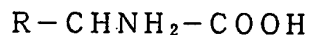
上記微生物の菌体を水溶性媒体中で培養しながら、菌体とD-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸を接触せしめて作用させる場合には、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸を含み、かつ微生物の生育に必要な炭素源、窒素源、無機イオンなどの栄養素を含む水性媒体が用いられる。さらに、ビタミン、アミノ酸などの有機微量栄養素を添加すると、好ましい結果が得られる場合が多い。窒素源としては、グルコース、シュクロースのような炭水化物、酢酸のような有機酸、アルコール類などが適宜に使用される。窒素源としては、アンモニアガス、アンモニア水、アンモニウム塩などが用いられる。無機イオンとしてはリン酸イオン、マグネシウムイオン、カ

リウムイオン、鉄イオンなどが使用されてよい。

培養は好氣的条件下に、pH 4～8、温度 25～45℃の適当な範囲に制御しつつ行なう。1～10日間も培養を行なえば、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸はD- $\alpha$ -アミノ酸のみに効率よく変換される。

これに対し、上記微生物の培養液をそのまま、培養菌体、菌体処理物、酵素抽出液、菌体の固定化物、菌体の不溶化物あるいは酵素蛋白質の固定化物と、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸を溶解または懸濁した水性媒体中で反応を行なう場合は、10～80℃の適当な温度に調節し、pHを4～9.5に保ちつつ、暫時静置または攪拌すればよい。かくして、5～100時間も経過すれば水性媒体中に多量のD- $\alpha$ -アミノ酸が生成、蓄積される。また、D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸は反応の進行に伴って分割添加してもよい。生成したD- $\alpha$ -アミノ酸は、常套の分離方法により分離、精製することができる。

なお、ここに得られたD- $\alpha$ -アミノ酸は、式：



(Rは前記と同意義)で表わすことができる。

以下に本発明の具体的な実施の態様を示す。なお、生成D- $\alpha$ -アミノ酸は高速液体クロマトグラフィ(HPLC)または薄層クロマトグラフィ(TLC)により検出、定量した。

#### 実施例1

アグロバクテリウム ラジオバクターKNK712株デカル

バミラーゼ遺伝子のヒドロキシルアミンによる変異処理

KNK712株デカルバミラーゼ遺伝子を持つpAD108を制限酵素HindIIIおよびEcoRIで切断し、M13mp18の二本鎖DNAをHindIIIおよびEcoRIで切断したものと混合し、ライゲーションした。

これによりイー・コリJM109を形質転換し、100mMイソプロピル- $\beta$ -D-チオガラクトピラノシド (IPTG) および0.2%5-ブromo-4-クロロ-3-インドリル- $\beta$ -D-ガラクトシド (X-Gal) をそれぞれ40 $\mu$ l添加した2mlのH上層寒天培地 (10g/l バクトトリプトン、8g/l NaCl、8g/l バクトアガー) と混合して、H寒天培地 (10g/l バクトトリプトン、8g/l NaCl、12g/l バクトアガー) 上に広げ、37℃で培養後、白ブランクを分離した。この組換えファージを100mlの2YT培地 (16g/l バクトトリプトン、10g/l バクトイーストエキストラクト、5g/l NaCl) で培養し、その上清にPEG-NaCl (20%ポリエチレングリコール6000、2.5M NaCl) 溶液を5分の1量添加してファージ粒子を沈澱させ、遠心分離した。この組換えファージ粒子を終濃度0.25M NH<sub>2</sub>OH (pH6.0) 中で、37℃、1~8時間処理し、PEG-NaCl溶液でファージ粒子を沈澱後、滅菌水に溶解してイー・コリJM109に感染させ、800mlの2YT培地で培養し、二本鎖の変異導入したDNAをアルカリ-SDS法およびCsCl超遠心法で調製した。これをHindIIIおよびEcoRIで切断してpUC19に挿入し、イー・コリJM109に形質転換し、50 $\mu$ g/mlのアンピシリンを含む2YT寒天培地にまき、変異デカルバミラーゼ遺伝子を有するイー・コリ組換え株を約15000株作製した。

#### 実施例2

アグロバクテリウム・ラジオブクターKNK712株デカル

バミラーゼ遺伝子の亜硝酸による変異処理

実施例1で作製したM13mp18にKNK712株デカルバミラーゼ遺伝子を組み込んだ組換えファージ粒子を800mlの2YT培地で培養し

て調製し、フェノール抽出およびエタノール沈澱を行なうことにより、一本鎖ファージDNAを取得した。この一本鎖DNAを終濃度0.9M NaNO<sub>2</sub> (pH 4.3) で25℃、30分間処理することにより遺伝子を変異させ、これをシークエネース<sup>®</sup> ver. 2.0 (United states Biochemical社製) およびAMV逆転写酵素 (Life Science社製) を用いて二本鎖化した。これを制限酵素HindIIIおよびEcoRIで切断してpUC19に組み込み、イー・コリJM109に形質転換し、2YT平板培地 (アンピシリン含有) にまき、変異デカルバミラーゼ遺伝子を有するイー・コリ組換え株約7600株を得た。

### 実施例3

#### 耐熱性が向上したデカルバミラーゼ生産株の選択

変異デカルバミラーゼ遺伝子を有するイー・コリ組換え体の平板培地上のコロニーを濾紙 (東洋濾紙、5C、φ83mm) にレプリカし、1.5 mlの溶菌液 (20mM Tris・HCl (pH 7.5)、10mM EDTA、2mg/ml リゾチーム、1% Triton X-100) を浸み込ませ、37℃、30分反応させた後、水洗、乾燥した。この濾紙を65℃の温水中に5分間浸漬することによって熱処理し、乾燥後、1mlの発色反応液 (30mM ケーリン酸緩衝液 (pH 7.4)、0.3% カルバミルーD-フェニルグリシン、0.25% フェノール、10mg/ml D-アミノ酸オキシダーゼ (シグマ社製)、2.36 μg/ml パーオキシダーゼ (西洋わさび由来、CALZYME Lab. 社製)、0.1mg/ml 4-アミノアンチピリン) を浸み込ませ、37℃で30分反応させた。赤色に発色したスポットに対応するコロニーを、耐熱性向上株として元の平板培地より分離した。

実施例1のヒドロキシルアミンによる変異株27000株より12株、

実施例2の亜硝酸による変異株7600株より7株の耐熱性向上株を得た。

#### 実施例4

##### 耐熱性が向上したデカルバミラーゼの耐熱度評価

実施例3で得られた耐熱性の向上したデカルバミラーゼの生産株の4株（ヒドロキシルアミン変異株3株、亜硝酸による変異株1株）およびKN K712株デカルバミラーゼ遺伝子を有する組換えイー・コリJM109 pAD108（FERM BP-3184）をそれぞれ10mlの2YT液体培地（50 $\mu$ g/mlアンピシリンおよび1mM IPTG含有）で一晩振盪培養した。集菌後、0.1M K-リン酸緩衝液（pH7.0）で洗浄し、1mlの同緩衝液に懸濁させた後、超音波破碎機（トミー精工、UR-20P型）で破碎し、遠心分離して残渣を除いた。この粗酵素液の1部を55℃、60℃、65℃、70℃および75℃等の温度で10分間熱処理し、遠心分離によって、熱変性し、不溶となった蛋白を除いた。ついで、この熱処理前後のデカルバミラーゼ活性を測定したが、測定は、1%カルバミル-D-ヒドロキシーフェニルグリシンを基質として0.1M K-リン酸緩衝液（pH7.0）中、40℃で、20分間反応させ、5%TCAで蛋白を変性させて除いた後、高速液体クロマトグラフィによって生成したD-ヒドロキシフェニルグリシン量を定量することによって行なった。結果を図1に示す。

#### 実施例5

##### 耐熱性が向上したデカルバミラーゼの遺伝子解析

耐熱性が向上した変異デカルバミラーゼについて遺伝子解析を行ない、デカルバミラーゼ蛋白の変異部位の推定を行なった。耐熱性が向上したデカルバミラーゼの遺伝子を有するプラスミドを、Taq Dye Deoxy<sup>TM</sup> Terminator Cycleシーケンシング・キット（アプライド・バイオシステ



ム社)を用い、プログラム・インキュベーター(アステック社、PC-700型)で反応させた後、バイオ・スピン30(バイオラッド社)を用いて余剰のDye Deoxyを除去した。この試料を373A型DNAシーケンサー(アプライド・バイオシステム社)を用いて泳動およびデータ解析を行なった。その結果、表1に示すように変異部位が判明した。いずれも1カ所のアミノ酸の変異によって耐熱性が向上していた。

表1

変異株名	耐熱温度(°C)	DNA変異	アミノ酸変異
(712)	61.8	なし	なし
エシェリヒア コリ (Escherichia coli)			
JM109 pAD402	67.3	401C→T	57His→Tyr
JM109 pAD404	68.0	840C→T	203Pro→Leu
JM109 pAD406	66.5	839C→T	203Pro→Ser
JM109 pAD416	71.4	939T→C	236Val→Ala

#### 実施例6

耐熱性が向上したデカルバミラーゼの樹脂への固定化

耐熱性が向上したデカルバミラーゼ生産株4株およびKNK712株デカルバミラーゼ遺伝子を有する組換えイー・コリJM109pAD108(FERM BP-3184)を、それぞれ1リットルの2YT培地(5

0  $\mu$ g/ml アンピシリン、1 mM IPTG 含有) で一晚振盪培養した。集菌後、0.1 M K-リン酸緩衝液 (pH 7.0) で菌を洗浄後、同緩衝液 100 ml に懸濁させ、超音波破碎機 (BRANSON 社製、Sonifier 250 型) で破碎し、遠心分離によって残渣を除き、粗酵素液とした。これに、0.1 M K-リン酸緩衝液 (pH 7.0) で平衡化したデュオライト A-568 (ローム・アンド・ハース社) を、蛋白 40 mg に対して樹脂 1 g となるように添加し、窒素シール下、4℃で、20 時間攪拌し、吸着させた。この吸着樹脂を 0.1 M K-リン酸緩衝液 (pH 7.0) および 10 mM ジチオスレイトール (DTT) で洗浄後、0.2% グルタルアルデヒド、0.1 M K-リン酸緩衝液 (pH 7.0) 中、4℃で、10 分間反応させて蛋白を架橋し、固定化樹脂を作製した。得られた樹脂の活性を表 2 に示す。

表 2

変異株名	E. coli JM109	E. coli JM109	E. coli JM109	E. coli JM109	712
	pAD402	pAD404	pAD406	pAD416	
活性(u/g resin)	12.4	9.4	10.0	14.6	9.6

#### 実施例 7

固定化デカルバミラーゼを用いた繰り返し連続反応

実施例 6 で得られた固定化樹脂を用いて、繰り返し連続反応を行なうことによって、耐熱化変異デカルバミラーゼの評価を行なった。固定化デカ

ルバミラーゼ50ユニットを用い、3%カルバミル-D-HPGを基質として、窒素通気下で攪拌しながら、40℃で、pHを7.0に調整しながら反応させた(100ml反応液)。10分および60分後に活性測定用のサンプリングを行い、合計23.5時間反応を続けた。反応液を吸引除去後、同様に反応液を仕込んで反応させるという操作を15回繰り返し、固定化デカルバミラーゼの活性の推移を調べた。この結果を図2に示すが、耐熱性が向上したデカルバミラーゼは、固定化樹脂として反応に用いた際の安定性が、変異前のものより、いずれも改良されていた。

#### 実施例8

##### 耐熱性関与部位のアミノ酸置換

耐熱性に関与することが判明した3カ所、すなわち、57番のアミノ酸であるヒスチジン、203番のアミノ酸であるプロリンおよび236番のバリンについて、それぞれ種々のアミノ酸に置換した誘導体を作製した。これらの誘導体の作製は、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を利用した方法(イトウら(Ito, W. et al.) ジン(Gene) 102, 67-70(1991))を応用して行なった。それぞれの耐熱化部位について、その部位のアミノ酸に対応する遺伝子の両側の相補鎖遺伝子約10塩基ずつの配列を持ち、置換するアミノ酸に対応する3塩基の部分は、それぞれA、T、G、Cのすべての組み合わせがあり、置換後すべてのアミノ酸がその部位に入るようにA、T、G、Cの混合液を用いて合成DNAプライマーを391型DNA合成機(アプライド・バイオシステムズ社製)で作製した。pAD108を鋳型としてこのプライマーとM13RVプライマー(宝酒造製)を用いてPCR反応をPC-700型プログラムインキュベーター(アステック社製)で行なった。また、デカルバミラーゼ遺伝子断片全長(1785塩基)とその両側の配列を少し含み、HindIII切断点の変

異して切断されなくなったDNA断片をpAD108とMUT F3プライマーおよびM13M4プライマー（いずれも宝酒造製）を用いてPCR反応により作製した。これら2種のPCR産物を混合し、94℃、10分間の加熱後、徐冷することによってアニールし、これら2種のDNAが接着したものを作製し、Taq DNAポリメラーゼを用いて一本鎖DNA部分を二本鎖とした。このDNAとM13M4およびM13RVの両プライマーを用いてPCR反応を行ない、生成DNAをHindIII、EcoRIで同時切断し、同様に切断したpUC19とライゲーションさせてイー・コリを形質転換させた。実施例3で示す方法によって耐熱性が向上した株のみを選択したところ、表3および表4に示す様に57番のヒスチジンがロイシンに置換した誘導体、203番のプロリンがアスパラギン、グルタミン酸、スレオニン、アラニン、イソロイシンまたはヒスチジンにそれぞれ置換した誘導体、236番のバリンがスレオニンまたはセリンにそれぞれ置換した誘導体でも、耐熱性が向上していた。

表 3

変異株名	耐熱温度(°C)	DNA変異	アミノ酸変異
(712)	61.8	なし	なし
エシェリヒア コリ (Escherichia coli)			
JM109 pAD434	67.5	402 A→T 403 T→A	57 His→Leu
JM109 pAD435	67.0	402 A→T	57 His→Leu
JM109 pAD431	67.0	839 C→A 840 C→A 841 T→C	203 Pro→Asn
JM109 pAD429	70.0	839 C→G 840 C→A 841 T→A	203 Pro→Glu
JM109 pAD445	67.5	839 C→A 841 T→C	203 Pro→Thr
JM109 pAD468	67.7	839 C→G	203 Pro→Ala
JM109 pAD469	67.2	839 C→A 840 C→T	203 Pro→Ile
JM109 pAD470	65.2	840 C→A	203 Pro→His

表 4

変異株名	耐熱温度(°C)	DNA変異	アミノ酸変異
(712)	61.8	なし	なし
エシェリヒア コリ (Escherichia coli)			
JM109 pAD428	70.0	939 T → C 940 G → C	236 Val → Ala
JM109 pAD439	71.5	939 T → C 940 G → T	236 Val → Ala
JM109 pAD441	71.5	938 G → A 939 T → G 940 G → T	236 Val → Ser
JM109 pAD447	72.0	938 G → T 939 T → C 940 G → A	236 Val → Ser
JM109 pAD448	72.0	938 G → T 939 T → C	236 Val → Ser
JM109 pAD450	69.5	938 G → A 939 C → C	236 Val → Thr

## 実施例 9

## 耐熱性関与部位の多重変異

耐熱性に関与することが判明した3カ所、すなわち57番のアミノ酸であるヒスチジン、203番のアミノ酸であるプロリンおよび236番のアミノ酸であるバリリンについて耐熱化することが判明しているアミノ酸変異を2個または3個組合せた誘導体（多重変異体）を次のように作製した。

実施例3および実施例8で得られた単一アミノ酸置換による耐熱化変異デカルバミラーゼ遺伝子の変異部位を含む制限酵素切断DNA断片を天然型遺伝子の無変異DNA断片と交換することによって多重変異体の作製を行った。まず、pAD108やpAD402などには上記のDNA断片の交換に使用するSalIおよびSphIの切断点が2カ所ずつ存在しているため、これらを単一の切断点にする必要がある。そこで新たな遺伝子導入用ベクターとしてpKK NEを作製し、これにデカルバミラーゼ遺伝子断片を挿入してDNA断片交換可能な発現ベクターを構築した。

pKK NEの作製は以下の様に行った。図3に示すpKK233-2（ファルマシア社製）をEcoRIおよびNdeIで切断し、アガロースゲル電気泳動で2.7KbのDNA断片を分離した後、そのDNA断片の突出末端をDNAブランディングキット（宝酒造製）を用いて平滑末端とし、ライゲーションして大腸菌JM109に形質転換した。

このようにして作製したベクターのNcoI切断点をPCR法を用いてNdeI切断点に変えたプラスミドを作製し、これをHindIII切断、突出末端平滑化の後、pEcoRIリンカー（宝酒造製）とライゲーションすることにより、図3に示すpKK NEを得た。次に、pAD108およびpAD402のデカルバミラーゼ遺伝子の開始コドン部分にPCR法でNdeI切断点を導入し、これより得たNdeI-EcoRI 1.

6 Kb DNA断片をpKK NEに導入した発現ベクターpAD1086 (pAD108由来、図4に示す) およびpAD4021 (pAD402由来、図5に示す) をそれぞれ作製した。

57番のアミノ酸変異はNde I-Sac Iの約190 bp DNA断片上、203番のアミノ酸変異はSal I-Cla Iの約170 bp DNA断片上 (以後、このDNA断片を断片Aという)、236番のアミノ酸変異はCla I-Sph Iの約75 bp DNA断片上 (以後、断片Bという) にそれぞれ存在している。そこで、pAD4021の断片Aを除き、ここにpAD404およびpAD406の同断片を挿入することによって、それぞれpAD421、pAD422を作製した。また、pAD1086、pAD4021、pAD421およびpAD422の断片BをpAD416の同断片と交換することにより、それぞれpAD4161、pAD423、pAD426およびpAD427を、さらにpAD4161の断片AをpAD404、pAD406およびpAD429の同断片と交換することにより、それぞれpAD424、pAD425およびpAD461を、pAD402およびpAD423のA断片をpAD429の同断片と交換することにより、pAD451およびpAD455 (図6に示す) を、pAD402、pAD429 (図6に示す)、pAD451およびpAD421のB断片をpAD447の同断片と交換することにより、pAD452、pAD453、pAD454およびpAD456をそれぞれ作製した。

以上のようにして作製した発現ベクターを大腸菌JM109にそれぞれ形質転換し、これらの菌体の破碎抽出液を調製して、その耐熱性を調べた。

表5および表6に示すように、多重変異体ではそれぞれの単一変異の耐熱化の度合に応じて相加的に耐熱性が向上しており、最も耐熱性が高い大腸菌JM109 pAD455 (FERM PB-4036) が生産する



デカルバミラーゼでは、変異前のデカルバミラーゼより約19℃も耐熱性が向上していた。

表 5

変異株名	アミノ酸変異	耐熱温度(°C)
(712)	なし	61.8
エシェリヒア コリ (Escherichia coli)		
JM109 pAD421	57His→Tyr 203Pro→Leu	71.5
JM109 pAD422	57His→Tyr 203Pro→Ser	70.0
JM109 pAD423	57His→Tyr 236Val→Ala	75.4
JM109 pAD424	203Pro→Leu 236Val→Ala	77.5
JM109 pAD425	203Pro→Ser 236Val→Ala	75.9
JM109 pAD426	57His→Tyr 203Pro→Leu 236Val→Ala	78.8
JM109 pAD427	57His→Tyr 203Pro→Ser 236Val→Ala	77.8

表 6

変異株名	アミノ酸変異	耐熱温度(°C)
(712)	なし	61.8
エシェリヒア コリ (Escherichia coli)		
JM109 pAD451	57His→Tyr 203Pro→Glu	74.0
JM109 pAD452	57His→Tyr 236Val→Ser	75.3
JM109 pAD453	203Pro→Glu 236Val→Ser	76.0
JM109 pAD461	203Pro→Glu 236Val→Ala	79.0
JM109 pAD454	57His→Tyr 203Pro→Glu 236Val→Ser	80.4
JM109 pAD455	57His→Tyr 203Pro→Glu 236Val→Ala	80.8
JM109 pAD456	57His→Tyr 203Pro→Leu 236Val→Ser	78.5

## 実施例 10

## 耐熱性が向上したデカルバミラーゼの反応温度特性

耐熱性が向上したデカルバミラーゼ産生株イー・コリ JM109 pAD108 (FERM BP-3184) 及びイー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036) を10mlの2YT培地で一晩振盪培養した。集菌後、0.1M K-リン酸緩衝液 (pH7.0) で菌体を洗浄後、同緩衝液1mlに懸濁させ、小型超音波破碎機 (トミー精工製、UR-20P型) で破碎し、遠心分離によって残渣を除き、粗酵素液とした。この粗酵素液を、同緩衝液に5mMジチオスレイトールを添加した液で10倍希釈した。1mlの基質溶液 (1%カルバミル-D-p-ヒドロキシフェニルグリシン、0.1%K-リン酸緩衝液 (pH6.5)) を30℃から85℃までの温度でそれぞれ3分間保温後、100 $\mu$ lの希釈粗酵素液 (活性が高い50~80℃ (イー・コリ JM109 pAD108の粗酵素液では50~65℃) では、さらに2~3倍希釈した酵素液100 $\mu$ l) を添加して、各温度で20分間反応させた。250 $\mu$ lの20%トリクロル酢酸溶液を添加して反応を止め、遠心後、上清を高速液体クロマト (ナカライテスク (株)、コスモシール5C18-ARカラム) で分析した。40℃での活性を100%として、各温度での相対活性を図7に示す。図7から明らかなとおり、イー・コリ JM109 pAD455が作る酵素では75℃付近の活性が最も高く、イー・コリ JM109 pAD108が作る酵素と比較して、酵素の安定性が非常に向上して、高温での反応が可能な酵素に改良されていた。

## 実施例 11

## 耐熱性が向上したデカルバミラーゼのpH安定性

耐熱性が向上したデカルバミラーゼ産生株イー・コリ JM109 p

AD416 (FERM BP-3915) およびイー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036) を10mlの2YT培地で一晚振盪培養した。集菌後、10mMK-リン酸緩衝液 (pH7.0、5mMジチオスレイトールを含む) で菌体を洗浄後、同緩衝液1mlに懸濁させ、小型超音波破碎機で破碎し、遠心分離によって残渣を除き、粗酵素液とした。各pHの緩衝液を、いずれも0.1MのK-リン酸緩衝液 (pH5.5、6、7、8)、トリス・HCl緩衝液 (pH7.5、8、9) および炭酸ナトリウム緩衝液 (pH9、10、11) で作製し、これら緩衝液800 $\mu$ lに200 $\mu$ lの上記粗酵素液をそれぞれ加えて、40℃で12.5時間インキュベートした。そして、その100 $\mu$ lを1mlの基質溶液 (1%カルバミル-D-p-ヒドロキシフェニルグリシン、0.1%K-リン酸緩衝液 (pH7.0)) に加え、40℃で反応させ、実施例10と同様の方法で分析した。pH7.0での活性を100%として、各pHでの処理試料の相対活性を図8に示した。

#### 実施例12

耐熱性が向上したデカルバミラーゼの発現ベクター作製と発現

##### (1) 外来遺伝子発現用ベクターの作製

最初に耐熱性が向上したデカルバミラーゼ遺伝子を挿入し、発現させるためのベクターを作製した (図9)。まず、pUC19よりPCR法を用いて1.3kbのHindⅢ、Cfr10Ⅰ断片を作製したが、この際PCR用プライマーとしてHindⅢ切断点の内側のlacZ遺伝子の開始コドン部位にNdeⅠ切断点ができ、さらにHindⅢ、Cfr10Ⅰで切断できるように配列を設計したものを反応に用いた。このPCRで得たDNA断片をHindⅢ、Cfr10Ⅰで切断後、pUC19から対応する1.3kb断片を除いた1.4kb断片とライゲーションすることによっ

て、pUC19にNde I 切断点が1カ所加わったプラスミドpUC・Ndeを作製した。次に、pTrc99A（ファルマシアより市販）より、同様にPCR法を用いて0.6kbのEcoRI、EcoRV断片を作製したが、この際、PCR用プライマーとしてEcoRI切断点の内側のNcoI切断点がNde I 切断点に変わり、さらにEcoRI、EcoRVで切断できるように配列を設計したものを反応に用いた。このPCRで得たDNA断片をEcoRI、EcoRVで切断後、pTrc99Aから対応する0.6kb断片を除いた3.6kb断片とライゲーションすることによって、pTrc99AにNde I 切断点が1カ所加わったプラスミドpTrcNdeを作製した。そして、pUC NdeをNde I、Ssp Iで切断した2.0kb断片とpTrc NdeをNde I、Ssp Iで切断した0.6kb断片をライゲーションすることによって、外来遺伝子発現用ベクタープラスミドpUCNT（図10）を作製した。

#### （2）耐熱性が向上したデカルバミラーゼ遺伝子のベクターへの組み込み

耐熱性が向上したデカルバミラーゼの1種の遺伝子を持つpAD455からPCR法を用いて、デカルバミラーゼをコードする遺伝子部分のみを作製したが、この際PCRプライマーとして遺伝子の開始コドン部分にNde I 切断点ができ、遺伝子の終止コドンの直後にPst I 切断点ができるように配列を設計したものを反応に用いた。このPCRで得た0.9kbのDNA断片をNde I、Pst Iで切断し、同じくNde I、Pst Iで切断したpUCNTとしライゲーションすることによって、耐熱性が向上したデカルバミラーゼの発現ベクタープラスミドpNT4553（図10）を作製した。

#### （3）耐熱性が向上したデカルバミラーゼ発現ベクターの発現

上記で作製した pNT 4553 をエシエリヒア・コリ  
(*Escherichia coli*) HB101 に塩化カルシウム法を  
用いて形質転換した。そしてこの形質転換株イー・コリ HB101 p  
NT4553 (FERM BP-4368) を 2YT 培地で 37℃、16  
時間振盪培養し、菌を集菌後 (実施例 10) に示す方法によって粗酵素液  
を調製し、デカルバミラーゼ活性を測定したところ、培養液あたり、5.  
6 units/ml の活性を示した。

本発明によれば、耐熱性の向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードする  
DNA 断片が得られ、それより D-N-カルバモイル- $\alpha$ -アミノ酸に対  
する反応性が高く、かつ安定性にも優れたデカルバミラーゼを調製し、こ  
の酵素を用いて D- $\alpha$ -アミノ酸を効率よく生産することができる。

## 配列表

配列番号: 1

配列の長さ: 1785

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: アグロバクテリウム・ラジオバクター

株名: KNK712 (FERM BP-1900)

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65



TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC 910  
 Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn  
 215 220 225  
 GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC 958  
 Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys  
 230 235 240  
 ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC 1006  
 Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val  
 245 250 255  
 GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT 1054  
 Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp  
 260 265 270  
 CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG 1102  
 Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln  
 275 280 285 290  
 CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC 1141  
 His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu  
 295 300  
 TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG 1201  
 CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC 1261  
 GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA 1321  
 CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT 1381  
 ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCCCATGTG AGCGAGAACC 1441  
 GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT 1501  
 CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA 1561  
 GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC 1621  
 ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG 1681  
 ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC 1741  
 TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC 1785

配列番号 : 2

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD402 (FERM BP-3912)

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTT GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCCTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCAGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 3

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD404 (FERM BP-3913)

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGGGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CTT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Leu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GGCGCGCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCAGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785



配列番号 : 4

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD406 (FERM BP-3914)

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC TCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ser Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 5

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD416 (FERM BP-3915)

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAC TGACCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 6

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD428

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	



ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCC GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTC GCGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCG CTGTTCGCG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 7

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD429

GTGACGGCG GGCTCGCGC AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCAG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGGAGGCG GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCAGCCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 8

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD431

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238
	Thr Arg
	1
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	
5 10 15	
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	
20 25 30	
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	
35 40 45 50	
ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	
55 60 65	

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC AAC GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Asn Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GGCGCGCCTA GCCCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCG CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 9

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD434

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTI GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CTA TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp Leu Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65



TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GGCAGCGCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号: 10

配列の長さ: 1785

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: Genomic DNA

起源

生物名: エシェリヒア・コリ

株名: JM109 pAD435

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CTT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430

Thr Phe Phe Pro Arg Trp Leu Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCCGCA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号：11

配列の長さ：1785

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

起源

生物名：エシェリヒア・コリ

株名：JM109 pAD439

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCT GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GGCGCGCCTA GCCCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTGTTCGCG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785



配列番号 : 1 2

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD441

GTCGACGGCG	GGCTCGCGCG	AGAGCTTGTC	AAGCAGCGCA	AATTCGGTT	CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA	AAAATTTTAC	GCCTGTTATT	GTCTGTCTGC	ATGTAATATT	TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT	GCATTGCGCC	GCGAGTCACA	AAGCCGGTTT	TCGGCGATGT	GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG	CCGCTGGGCC	GGACATCACC	TAGGAAGGAG	CAGAGGTTCA	TG ACA CGT	238

Thr Arg

1

CAG	ATG	ATA	CTT	GCA	GTG	GGA	CAA	CAA	GGT	CCG	ATC	GCG	CGC	GCG	GAG	286
Gln	Met	Ile	Leu	Ala	Val	Gly	Gln	Gln	Gly	Pro	Ile	Ala	Arg	Ala	Glu	

5

10

15

ACA	CGC	GAA	CAG	GTC	GTC	GTT	CGT	CTT	CTC	GAC	ATG	CTG	ACG	AAA	GCC	334
Thr	Arg	Glu	Gln	Val	Val	Val	Arg	Leu	Leu	Asp	Met	Leu	Thr	Lys	Ala	

20

25

30

GCG	AGC	CGG	GGC	GCG	AAT	TTC	ATT	GTC	TTC	CCC	GAA	CTC	GCG	CTT	ACG	382
Ala	Ser	Arg	Gly	Ala	Asn	Phe	Ile	Val	Phe	Pro	Glu	Leu	Ala	Leu	Thr	

35

40

45

50

ACC	TTC	TTC	CCG	CGC	TGG	CAT	TTC	ACC	GAC	GAG	GCC	GAG	CTC	GAT	AGC	430
Thr	Phe	Phe	Pro	Arg	Trp	His	Phe	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Leu	Asp	Ser	

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG AGT GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 13

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD445

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC ACC GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Thr Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGAGGCG GCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 1 4

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD447

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	



ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCAG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GGCAGCCTA GCCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCACGCT GGCTGCTGAC GGCAGGAGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 15

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD448

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430

Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCG CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 16

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD450

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430

Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG ACG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Thr Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CCG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCAG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCCGGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 17

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD421

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	60	
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	108	
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	156	
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	201	
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	252	
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		



AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CTT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Leu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTG TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GGCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 18

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD422

CATA TG ACA CGT 12

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 60

Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 108

Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 156

Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 201

Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG 252

Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu

70

75

80

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC TCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ser Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTGTAGCCCATAT	1155
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCAA GCCGCCGCG CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 19

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD423

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CACTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCAA GCCGCCGCG CTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559



配列番号 : 20

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD424 (FERM BP-4034)

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CTT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Leu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTGCGCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTGTAGCCCATAT	1155
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 21

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD425

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC TCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ser Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCAG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCCGCA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCAGCCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 22

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD426

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CTT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Leu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	



GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGCT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTGCTGG CAAAGCCAA GCCGCCGCGC CTGTTCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 23

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD427

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	60	
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	108	
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	156	
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	201	
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	252	
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC TCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ser Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GGCGCGCCTA GCCCCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTGTGTCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 24

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD451

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GTG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Val Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAC TGACCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTGCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 25

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD452

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	

55

60

65



TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Pro Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTGCGCCG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1561
GGGTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 26

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD453

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430  
 Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTGCGCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTG TAGCCCATAT	1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTGTGTCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 27

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD461

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	60	
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	108	
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	156	
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	201	
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	252	
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTC AAAGAGTTTC GCGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCG CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559



配列番号：28

配列の長さ：1785

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：Genomic DNA

起源

生物名：エシェリヒア・コリ

株名：JM109 pAD454

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGGT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
---	-----

Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
---	-----

Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
---	-----

Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
---	-----

Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	

ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC 910  
 Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn  
 215 220 225  
 GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC 958  
 Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys  
 230 235 240  
 ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC 1006  
 Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val  
 245 250 255  
 GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT 1054  
 Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp  
 260 265 270  
 CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG 1102  
 Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln  
 275 280 285 290  
 CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC 1141  
 His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu  
 295 300  
 TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG 1201  
 CCAGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCAG ACCGTTTACG GGCGATCCGC AAGGAGATGC 1261  
 GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA 1321  
 CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTGTAGCCCATAT 1381  
 ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GGCGCGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC 1441  
 GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT 1501  
 CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCAGCT GGCTGCTGAC GGCGGAGGAA 1561  
 GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC 1621  
 ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG 1681  
 ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC 1741  
 TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC 1785

配列番号 : 29

配列の長さ : 1559

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD455 (FERM BP-4036)

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		

AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	300
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	348
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	396
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	444
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	492
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	540
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	588
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GAA GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	636
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Glu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGC TCT TAT CAG AAC	684
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	

GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG GCG GGC ATG GAG GAG AAC TGC	732
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ala Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGGCG CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	975
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGATCCGC AAGGAGATGC	1035
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1095
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1155
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GCGGAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC	1215
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1275
CGGATCIATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA	1335
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGCGC CTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1395
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1455
ACGCTCGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1515
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1559

配列番号 : 30

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD456

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT 60  
 TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA 120  
 TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC 180  
 GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTCA TG ACA CGT 238

Thr Arg

1

CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG 286  
 Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu

5

10

15

ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC 334  
 Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala

20

25

30

GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG 382  
 Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr

35

40

45

50

ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC 430

Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser

55

60

65

TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CTT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Leu Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	



ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	
215 220 225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC	958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys	
230 235 240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC	1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val	
245 250 255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT	1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp	
260 265 270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG	1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln	
275 280 285 290	
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC	1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu	
295 300	
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG	1201
CCAGGGTGAC GCTGTTGGAA TAGTACCAG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC	1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA	1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGT TAGCCCATAT	1381
ATAGATTCC AAAGAGTTTC GGCAGGGCGC GGCAGCCTA GCGCCATGTG AGCGAGAACC	1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT	1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCACACGCT GGCTGCTGAC GGCAGGAGAA	1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC	1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG	1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGGC	1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC	1785

配列番号 : 31

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD468

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238
	Thr Arg
	1
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	
5 10 15	
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	
20 25 30	
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	
35 40 45 50	
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	
55 60 65	
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478

Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC GCT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ala Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	

215	220	225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC			958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys			
230	235	240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC			1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val			
245	250	255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT			1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp			
260	265	270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG			1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln			
275	280	285	290
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC			1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu			
295	300		
TGAGGTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG			1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCGATCCGC AAGGAGATGC			1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA			1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT			1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GCGCGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC			1441
GTGCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT			1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA			1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC			1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACCGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG			1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC			1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC			1785

配列番号 : 3 2

配列の長さ : 1 7 8 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD469

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATTCGGTT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTCCCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCA TG ACA CGT	238
	Thr Arg
	1
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	
5 10 15	
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	
20 25 30	
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	
35 40 45 50	
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	
55 60 65	
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478

Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CGG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC ATT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro Ile Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	

215	220	225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC			958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys			
230	235	240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC			1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val			
245	250	255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT			1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp			
260	265	270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG			1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln			
275	280	285	290
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC			
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu			1141
295	300		
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG			1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGAA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GCGGATCCGC AAGGAGATGC			1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA			1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAATG TAGCCCATAT			1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCGAGGCGC GCGCGCCTA GCCCCATGTG AGCGAGAACC			1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT			1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCGCACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA			1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TGCGATCGCC			1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG			1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTCAC TCCATCCTCA AGACGCTGAC GCATTTCGGC			1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC			1785

配列番号 : 33

配列の長さ : 1785

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : JM109 pAD470

GTCGACGGCG GGCTCGCGCG AGAGCTTGTC AAGCAGCGCA AATCCGGTT CCGCTCCGGT	60
TGACAGATCA AAAATTTTAC GCCTGTTATT GTCGTGCTGC ATGTAATATT TCGTACTTTA	120
TGTAGAATTT GCATTGCGCC GCGAGTCACA AAGCCGGTTT TCGGCGATGT GTTTCACAAC	180
GTTTTCCTCGG CCGCTGGGCC GGACATCACC TAGGAAGGAG CAGAGGTTCa TG ACA CGT	238
	Thr Arg
	1
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG	286
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu	
5 10 15	
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC	334
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala	
20 25 30	
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG	382
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr	
35 40 45 50	
ACC TTC TTC CCG CGC TGG TAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC	430
Thr Phe Phe Pro Arg Trp Tyr Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser	
55 60 65	
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG	478



Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu	
70 75 80	
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC	526
Lys Ala Ala Glu Leu Gly Ile Gly Phe Asn Leu Gly Tyr Ala Glu Leu	
85 90 95	
GTC GTC GAA GGC GGC GTC AAG CGT CGC TTC AAC ACG TCC ATT TTG GTG	574
Val Val Glu Gly Gly Val Lys Arg Arg Phe Asn Thr Ser Ile Leu Val	
100 105 110	
GAT AAG TCA GGC AAG ATC GTC GGC AAG TAT CGT AAG ATC CAT TTG CCG	622
Asp Lys Ser Gly Lys Ile Val Gly Lys Tyr Arg Lys Ile His Leu Pro	
115 120 125 130	
GGT CAC AAG GAG TAC GAG GCC TAC CGG CCG TTC CAG CAT CTT GAA AAG	670
Gly His Lys Glu Tyr Glu Ala Tyr Arg Pro Phe Gln His Leu Glu Lys	
135 140 145	
CGT TAT TTC GAG CCG GGC GAT CTC GGC TTC CCG GTC TAT GAC GTC GAC	718
Arg Tyr Phe Glu Pro Gly Asp Leu Gly Phe Pro Val Tyr Asp Val Asp	
150 155 160	
GCC GCG AAA ATG GGG ATG TTC ATC TGC AAC GAT CGC CGC TGG CCT GAA	766
Ala Ala Lys Met Gly Met Phe Ile Cys Asn Asp Arg Arg Trp Pro Glu	
165 170 175	
GCC TGG CCG GTG ATG GGC CTC AGG GGC GCC GAG ATC ATC TGC GGC GGC	814
Ala Trp Arg Val Met Gly Leu Arg Gly Ala Glu Ile Ile Cys Gly Gly	
180 185 190	
TAC AAC ACG CCG ACC CAC AAT CCC CAT GTT CCC CAG CAC GAC CAC CTG	862
Tyr Asn Thr Pro Thr His Asn Pro His Val Pro Gln His Asp His Leu	
195 200 205 210	
ACG TCC TTC CAC CAT CTC CTA TCG ATG CAG GCC GGG TCT TAT CAG AAC	910
Thr Ser Phe His His Leu Leu Ser Met Gln Ala Gly Ser Tyr Gln Asn	

215	220	225	
GGG GCC TGG TCC GCG GCC GCG GGC AAG TCA GGC ATG GAG GAG AAC TGC			958
Gly Ala Trp Ser Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly Met Glu Glu Asn Cys			
230	235	240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC			1006
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val			
245	250	255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT			1054
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp			
260	265	270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG			1102
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln			
275	280	285	290
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC			1141
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu			
295	300		
TGAGGTTGCC GAAAAGCATG TGTGTCGTTG TTCTCGGCGC CTGGGTCACA TCCAGGCGCG			1201
CCAGGGTGAC GCTGGTGGA TAGTACCACG ACCGCTTCAG GGCATCCGC AAGGAGATGC			1261
GGGTCGCCGG AGCGGCAAAG CCCGACATTC GTTTCGCACC GACGGCCGTC GTGAACTCGA			1321
CAGTCCGCGA GAAGGGCGTA TTGCGCGGCC TGGACCTGTA CGTGGAAGTG TAGCCCATAT			1381
ATAGATTTCC AAAGAGTTTC GGCAGGCGC GGCAGCCTA GCGCATGTG AGCGAGAACC			1441
GTGCCCAGAT CAAAGAATGA GACCGACGCG CCGGCCGCGG CAAAGGATGA TCCTCAGGGT			1501
CGGATCTATC GCTCCGCCCT GAAGCAGGAG GGCACACGCT GGCTGCTGAC GCGGAGGAA			1561
GGGTTGCTGG CAAAGCCCAA GCCGCCCGGC CTTGTTCCGG CACTTGAGAA TCGATCGCC			1621
ATCGTCGATT ACATCAACGG TACACGCCC CATATCGCGT CCCTGGCGGA GCTTTCAACG			1681
ACGCTCGGGA TATCCAAGAG CCACTGTAC TCCATCTCA AGACGCTGAC GCATTTCCGC			1741
TGGCTGAAAT TCGACAATCG CTCAAAGAGC TACGAGCTGA ATTC			1785

配列番号 : 3 4

配列の長さ : 9 2 6

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : Genomic DNA

起源

生物名 : エシェリヒア・コリ

株名 : HB101 pNT4553 (FERM BP-4368)

	CATA TG ACA CGT	12
	Thr Arg	
	1	
CAG ATG ATA CTT GCA GTG GGA CAA CAA GGT CCG ATC GCG CGC GCG GAG		60
Gln Met Ile Leu Ala Val Gly Gln Gln Gly Pro Ile Ala Arg Ala Glu		
5 10 15		
ACA CGC GAA CAG GTC GTC GTT CGT CTT CTC GAC ATG CTG ACG AAA GCC		108
Thr Arg Glu Gln Val Val Val Arg Leu Leu Asp Met Leu Thr Lys Ala		
20 25 30		
GCG AGC CGG GGC GCG AAT TTC ATT GTC TTC CCC GAA CTC GCG CTT ACG		156
Ala Ser Arg Gly Ala Asn Phe Ile Val Phe Pro Glu Leu Ala Leu Thr		
35 40 45 50		
ACC TTC TTC CCG CGC TGG CAT TTC ACC GAC GAG GCC GAG CTC GAT AGC		201
Thr Phe Phe Pro Arg Trp His Phe Thr Asp Glu Ala Glu Leu Asp Ser		
55 60 65		
TTC TAT GAG ACC GAA ATG CCC GGC CCG GTG GTC CGT CCA CTC TTT GAG		252
Phe Tyr Glu Thr Glu Met Pro Gly Pro Val Val Arg Pro Leu Phe Glu		
70 75 80		
AAG GCC GCG GAA CTC GGG ATC GGC TTC AAT CTG GGC TAC GCT GAA CTC		300

Lys	Ala	Ala	Glu	Leu	Gly	Ile	Gly	Phe	Asn	Leu	Gly	Tyr	Ala	Glu	Leu	
	85					90						95				
GTC	GTC	GAA	GGC	GGC	GTC	AAG	CGT	CGC	TTC	AAC	ACG	TCC	ATT	TTG	GTG	348
Val	Val	Glu	Gly	Gly	Val	Lys	Arg	Arg	Phe	Asn	Thr	Ser	Ile	Leu	Val	
	100					105						110				
GAT	AAG	TCA	GGC	AAG	ATC	GTC	GGC	AAG	TAT	CGT	AAG	ATC	CAT	TTG	CCG	396
Asp	Lys	Ser	Gly	Lys	Ile	Val	Gly	Lys	Tyr	Arg	Lys	Ile	His	Leu	Pro	
	115				120					125				130		
GGT	CAC	AAG	GAG	TAC	GAG	GCC	TAC	CGG	CCG	TTC	CAG	CAT	CTT	GAA	AAG	444
Gly	His	Lys	Glu	Tyr	Glu	Ala	Tyr	Arg	Pro	Phe	Gln	His	Leu	Glu	Lys	
		135					140				145					
CGT	TAT	TTC	GAG	CCG	GGC	GAT	CTC	GGC	TTC	CCG	GTC	TAT	GAC	GTC	GAC	492
Arg	Tyr	Phe	Glu	Pro	Gly	Asp	Leu	Gly	Phe	Pro	Val	Tyr	Asp	Val	Asp	
		150					155				160					
GCC	GCG	AAA	ATG	GGG	ATG	TTC	ATC	TGC	AAC	GAT	CGC	CGC	TGG	CCT	GAA	540
Ala	Ala	Lys	Met	Gly	Met	Phe	Ile	Cys	Asn	Asp	Arg	Arg	Trp	Pro	Glu	
		165					170				175					
GCC	TGG	CGG	GTG	ATG	GGC	CTC	AGG	GGC	GCC	GAG	ATC	ATC	TGC	GGC	GGC	588
Ala	Trp	Arg	Val	Met	Gly	Leu	Arg	Gly	Ala	Glu	Ile	Ile	Cys	Gly	Gly	
		180				185					190					
TAC	AAC	ACG	CCG	ACC	CAC	AAT	CCC	GAA	GTT	CCC	CAG	CAC	GAC	CAC	CTG	636
Tyr	Asn	Thr	Pro	Thr	His	Asn	Pro	Glu	Val	Pro	Gln	His	Asp	His	Leu	
	195				200					205				210		
ACG	TCC	TTC	CAC	CAT	CTC	CTA	TCG	ATG	CAG	GCC	GGG	TCT	TAT	CAG	AAC	684
Thr	Ser	Phe	His	His	Leu	Leu	Ser	Met	Gln	Ala	Gly	Ser	Tyr	Gln	Asn	
		215					220				225					
GGG	GCC	TGG	TCC	GCG	GCC	GCG	GGC	AAG	GCG	GGC	ATG	GAG	GAG	AAC	TGC	732
Gly	Ala	Trp	Ser	Ala	Ala	Ala	Gly	Lys	Ala	Gly	Met	Glu	Glu	Asn	Cys	

230	235	240	
ATG CTG CTC GGC CAC TCC TGC ATC GTG GCG CCG ACC GGG GAA ATC GTC			780
Met Leu Leu Gly His Ser Cys Ile Val Ala Pro Thr Gly Glu Ile Val			
245	250	255	
GCT CTC ACT ACG ACG CTG GAA GAC GAG GTG ATC ACC GCC GCC GTC GAT			828
Ala Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asp Glu Val Ile Thr Ala Ala Val Asp			
260	265	270	
CTC GAT CGC TGC CGG GAA CTG CGT GAA CAC ATC TTC AAC TTC AAG CAG			876
Leu Asp Arg Cys Arg Glu Leu Arg Glu His Ile Phe Asn Phe Lys Gln			
275	280	285	290
CAT CGT CAG CCC CAG CAC TAT GGT CTG ATC GCG GAA CTC			915
His Arg Gln Pro Gln His Tyr Gly Leu Ile Ala Glu Leu			
295	300		
TGAGGCTGCAG			926

## 請 求 の 範 囲

1. 微生物由来の、N-カルバミル-D- $\alpha$ -アミノ酸のカルバミル基を除去して対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換する酵素（以下、デカルバミラーゼという）の蛋白をコードするDNA断片を変異処理することを特徴とする耐熱性の向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片の調製法。

2. 微生物由来のデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片を、一本鎖の状態に変異処理する請求項1記載の調製法。

3. 変異処理が変異部位についてのランダムな変異である請求項1または2記載の調製法。

4. ランダムな変異が化学的な変異である請求項3記載の調製法。

5. 微生物由来のデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片をファージに組み込んで一本鎖の状態にして変異処理する請求項2～4記載のいずれか1つの調製法。

6. 一本鎖のDNA断片がデカルバミラーゼ蛋白のアミノ酸配列に対応するコドンを含むDNA鎖である請求項2～5記載のいずれか1つの調製法。

7. 一本鎖のDNA断片がデカルバミラーゼ蛋白のアミノ酸配列に対応するコドンを含むDNA鎖の相補鎖である請求項2～5記載のいずれか1つの調製法。

8. 変異処理をヒドロキシルアミンで行う請求項5記載の調製法。

9. 変異処理を亜硝酸で行う請求項5記載の調製法。

10. 微生物がアグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) である請求項1~9記載のいずれか1つの調製法。

11. 変異処理が、変位部位についての部位特異的な変異である請求項1または2記載の調製法。

12. 部位特異的な変異が、ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR 反応) を用いたものである請求項11記載の調製法。

13. 微生物がアグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) である請求項11または12記載の調製法。

14. 請求項1記載の調製法で調製した耐熱性の向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードするDNA断片を含む組換えプラスミドで形質転換した微生物を培養することを特徴とする耐熱性の向上したデカルバミラーゼの製造法。

15. 微生物由来のデカルバミラーゼの耐熱温度が63℃以下であり、耐熱性の向上したデカルバミラーゼの耐熱温度が65℃以上である請求項14記載の製造法。

16. 耐熱性が耐熱温度にして2℃以上向上したデカルバミラーゼを使用する請求項14記載の製造法。

17. 耐熱性の向上したデカルバミラーゼが、アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) 由来のデカルバミラーゼの57番のヒスチジン、203番のプロリンもしくは236番のバリンのうち、少なくとも1つのアミノ酸が、他のアミノ酸に置換されているデカルバミラーゼである請求項14記載の製造法。

18. 他のアミノ酸が、57番のヒスチジンに対しては、チロシンまたはロイシン、203番のプロリンに対しては、ロイシン、セリン、アスパラギン、グルタミン酸、アラニン、イソロイシン、ヒスチジンまたはスレオニン、236番のバリンに対しては、アラニン、スレオニンまたはセリンである請求項17記載の製造法。

19. 形質転換微生物が、エシェリヒア・コリ (イー・コリ) (*Escherichia coli*) JM109 pAD402 (FERM BP-3912)、イー・コリ JM109 pAD404 (FERM BP-3913)、イー・コリ JM109 pAD406 (FERM BP-3914)、イー・コリ JM109 pAD416 (FERM BP-3915)、イー・コリ JM109 pAD428、イー・コリ JM109 pAD429 (FERM BP-4035)、イー・コリ JM109 pAD431、イー・コリ JM109 pAD434、イー・コリ JM109 pAD435、イー・コリ JM109 pAD439、イー・コリ JM109 pAD441、イー・コリ



JM109 pAD445、イー・コリ JM109 pAD447、イー・コリ JM109 pAD448、イー・コリ JM109 pAD450、イー・コリ JM109 pAD421、イー・コリ JM109 pAD422、イー・コリ JM109 pAD423、イー・コリ JM109 pAD424 (FERM BP-4034)、イー・コリ JM109 pAD425、イー・コリ JM109 pAD426、イー・コリ JM109 pAD427、イー・コリ JM109 pAD451、イー・コリ JM109 pAD452、イー・コリ JM109 pAD453、イー・コリ JM109 pAD461、イー・コリ JM109 pAD454、イー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036)、イー・コリ JM109 pAD456、イー・コリ JM109 pAD468、イー・コリ JM109 pAD469、イー・コリ JM109 pAD470またはイー・コリ HB101 pNT4553 (FERM BP-4368) である請求項14~18記載のいずれか1つの製造法。

20. N-カルバミル-D- $\alpha$ -アミノ酸を、水性媒体中、耐熱温度が65℃以上のデカルバミラーゼの作用によって対応するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換せしめ、生成したD- $\alpha$ -アミノ酸を採取することを特徴とするD- $\alpha$ -アミノ酸の製造法。

21. デカルバミラーゼを固定化して作用させる請求項20記

載の製造法。

22. 固定化デカルバミラーゼを反復使用する請求項21記載の製造法。

23. 耐熱温度65℃以上のデカルバミラーゼが、アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) 由来のデカルバミラーゼの57番のヒスチジン、203番のプロリンまたは236番のバリンのうち、少なくとも1つのアミノ酸が、他のアミノ酸に置換されているデカルバミラーゼである請求項20記載の製造法。

24. 他のアミノ酸が、57番のヒスチジンに対しては、チロシンまたはロイシン、203番のプロリンに対しては、ロイシン、セリン、アスパラギン、グルタミン酸、アラニン、イソロイシン、ヒスチジンまたはスレオニン、236番のバリンに対しては、アラニン、スレオニンまたはセリンである請求項23記載の製造法。

25. 耐熱温度が65℃以上のデカルバミラーゼが、形質転換微生物のイー・コリ (E. coli) JM109 pAD402 (FERM BP-3912)、イー・コリ JM109 pAD404 (FERM BP-3913)、イー・コリ JM109 pAD406 (FERM BP-3914)、イー・コリ JM109 pAD416 (FERM BP-3915)、イー・コリ JM109 pAD428、イー・コリ JM109 pAD429 (FERM BP-4035)、イー・コリ JM10

9 pAD431、イー・コリ JM109 pAD434、イー・コリ JM109 pAD435、イー・コリ JM109 pAD439、イー・コリ JM109 pAD441、イー・コリ JM109 pAD445、イー・コリ JM109 pAD447、イー・コリ JM109 pAD448、イー・コリ JM109 pAD450、イー・コリ JM109 pAD421、イー・コリ JM109 pAD422、イー・コリ JM109 pAD423、イー・コリ JM109 pAD424 (FERM BP-4034)、イー・コリ JM109 pAD425、イー・コリ JM109 pAD426、イー・コリ JM109 pAD427、イー・コリ JM109 pAD451、イー・コリ JM109 pAD452、イー・コリ JM109 pAD453、イー・コリ JM109 pAD461、イー・コリ JM109 pAD454、イー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036)、イー・コリ JM109 pAD456、イー・コリ JM109 pAD468、イー・コリ JM109 pAD469、イー・コリ JM109 pAD470またはイー・コリ HB101 pNT4553 (FERM BP-4368) によって生産される請求項20~23記載のいずれか1つの製造法。

26. N-カルバミル-D- $\alpha$ -アミノ酸を、水性媒体中、耐熱温度が2℃以上向上したデカルバミラーゼの作用によって対応

するD- $\alpha$ -アミノ酸に変換せしめ、生成したD- $\alpha$ -アミノ酸を採取することを特徴とするD- $\alpha$ -アミノ酸の製造法。

27. 耐熱温度が2℃以上向上したことを特徴とするデカルバミラーゼ。

28. 耐熱温度が65℃以下のデカルバミラーゼの少なくとも1つのアミノ酸が他のアミノ酸によって置換され、耐熱温度が65℃以上になったことを特徴とするデカルバミラーゼ。

29. 置換されたアミノ酸が1つ～3つである請求項28記載のデカルバミラーゼ。

30. アグロバクテリウム・ラジオバクターKNK712 (FERM BP-1900) 由来のデカルバミラーゼの57番のヒスチジン、203番のプロリンまたは236番のバリンのうち、少なくとも1つのアミノ酸が他のアミノ酸に置換されているデカルバミラーゼ。

31. 少なくとも57番のヒスチジンが他のアミノ酸に置換されている請求項30記載のデカルバミラーゼ。

32. 他のアミノ酸がチロシンまたはロイシンである請求項31記載のデカルバミラーゼ。

33. 少なくとも203番のプロリンが、他のアミノ酸に置換されている請求項30記載のデカルバミラーゼ。

34. 他のアミノ酸がロイシン、グルタミン酸、セリン、アスパラギン、スレオニン、アラニン、イソロイシンまたはヒスチジ

ンである請求項 33 記載のデカルバミラーゼ。

35. 少なくとも 236 番のバリンが他のアミノ酸に置換されている請求項 30 記載のデカルバミラーゼ。

36. 他のアミノ酸がアラニン、スレオニンまたはセリンである請求項 35 記載のデカルバミラーゼ。

37. 配列表の配列番号 2-34 に記されたアミノ酸配列を持つデカルバミラーゼ。

38. 微生物由来のデカルバミラーゼ蛋白をコードする DNA 断片の少なくとも 1 つの塩基が他の塩基で置換され、対応するアミノ酸の少なくとも 1 つが置き換えられたため耐熱性の向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードする DNA 断片。

39. アグロバクテリウム・ラジオバクター KNK712 (FERM BP-1900) 由来のデカルバミラーゼ蛋白をコードする DNA 断片のうち、該デカルバミラーゼにおける 57 番のアミノ酸のヒスチジン、203 番のアミノ酸のプロリンまたは 236 番のバリンに対応するコドンを構成する塩基の少なくとも 1 つが他の塩基に置換され、該アミノ酸の少なくとも 1 つが他のアミノ酸に置き換えられて耐熱性が向上したデカルバミラーゼ蛋白をコードする請求項 38 記載の DNA 断片。

40. アミノ酸番号 57 番のアミノ酸であるヒスチジンをコードする塩基配列のシトシン、アデニンおよびチミン (CAT) の少なくとも 1 つが、他の塩基に置換され、該ヒスチジンがチロシ

ンまたはロイシンに置き換えられたデカルバミラーゼ蛋白をコードする請求項39記載のDNA断片。

41. アミノ酸番号203番のアミノ酸であるプロリンをコードする塩基配列のシトシン、シトシンおよびチミン(CCT)の少なくとも1つが、他の塩基に置換され、該プロリンがセリン、ロイシン、アスパラギン、グルタミン酸、スレオニン、アラニン、イソロイシンまたはヒスチジンに置き換えられたデカルバミラーゼ蛋白をコードする請求項39記載のDNA断片。

42. アミノ酸番号236番のアミノ酸であるバリンをコードする塩基配列のグアニン、チミンおよびグアニン(GTG)の少なくとも1つが、他の塩基に置換され、該バリンが、アラニン、セリンまたはスレオニンに置き換えられたデカルバミラーゼ蛋白をコードする請求項39記載のDNA断片。

43. 請求項40の塩基配列CATが、TAT、CTTまたはCTAに置換されている請求項40記載のDNA断片。

44. 請求項41の塩基配列CCTが、TCT、CTT、AAC、GAA、ACC、GCT、ATTまたはCATに置換されている請求項41記載のDNA断片。

45. 請求項42の塩基配列GTGが、GCG、GCT、ACC、ACG、TCA、TCGまたはAGTに置換されている請求項42記載のDNA断片。

46. 配列表の配列番号2~16、24~26、28および3

3に記されたDNA断片の233番～1141番の塩基配列および配列番号17～23、27、29および34に記されたDNA断片7番～915番の塩基配列。

47. 請求項38～45記載のDNA断片を含む発現ベクター。

48. 請求項47記載の発現ベクターで形質転換された形質転換微生物。

49. pAD402、pAD404、pAD406、pAD416、pAD428、pAD429、pAD431、pAD434、pAD435、pAD439、pAD441、pAD445、pAD447、pAD448、pAD450、pAD421、pAD422、pAD423、pAD424、pAD425、pAD426、pAD427、pAD451、pAD452、pAD453、pAD461、pAD454、pAD455、pAD456、pAD468、pAD469、pAD470またはpNT4553である発現ベクター。

50. イー・コリ (E.coli) JM109 pAD402 (FERM BP-3912)、イー・コリ JM109 pAD404 (FERM BP-3913)、イー・コリ JM109 pAD406 (FERM BP-3914)、イー・コリ JM109 pAD416 (FERM BP-3915)、イー・コリ JM109 pAD428、イー・コリ JM109 pAD429 (FERM BP-4035)、イー・コリ JM10

9 pAD431、イー・コリ JM109 pAD434、イー・コリ JM109 pAD435、イー・コリ JM109 pAD439、イー・コリ JM109 pAD441、イー・コリ JM109 pAD445、イー・コリ JM109 pAD447、イー・コリ JM109 pAD448、イー・コリ JM109 pAD450、イー・コリ JM109 pAD421、イー・コリ JM109 pAD422、イー・コリ JM109 pAD423、イー・コリ JM109 pAD424 (FERM BP-4034)、イー・コリ JM109 pAD425、イー・コリ JM109 pAD426、イー・コリ JM109 pAD427、イー・コリ JM109 pAD451、イー・コリ JM109 pAD452、イー・コリ JM109 pAD453、イー・コリ JM109 pAD461、イー・コリ JM109 pAD454、イー・コリ JM109 pAD455 (FERM BP-4036)、イー・コリ JM109 pAD456、イー・コリ JM109 pAD468、イー・コリ JM109 pAD469、イー・コリ JM109 pAD470またはイー・コリ HB101 pNT4553 (FERM BP-4368) である形質転換微生物。

51. 1) 請求項1の方法を反復して用いることにより、複数のアミノ酸部位について、各々1つのアミノ酸が変異を受け、耐



熱性の向上したデカルバミラーゼをコードするDNA断片またはこれを含むベクターを得、

2) 耐熱性に関与する各々1つのアミノ酸をコードするDNA部分を含むDNA断片を、各DNA断片ごとに切り出すことのできる制限酵素を探し出し、

3) 1)のDNA断片またはこれを含むベクターから、1つの変異アミノ酸部位をコードするDNA部分を含むDNA断片を、2)の制限酵素を使用して切り出し、

4) 同じ制限酵素を使用して、アミノ酸が未だ変異していない対応のDNA断片を、デカルバミラーゼをコードするDNA断片またはこれを含むベクターから切り出し、

5) 4)で対応のDNA断片を切り出した残りのDNA断片またはこれを含むベクターに、3)で切り出したDNA断片を挿入し、

6) 3)～5)の操作を必要に応じて反復することを特徴とするデカルバミラーゼの耐熱性に関与するアミノ酸の変異数を1つ以上増加させる方法。

52. 外来遺伝子発現用ベクタープラスミドpUC NT。

□ /

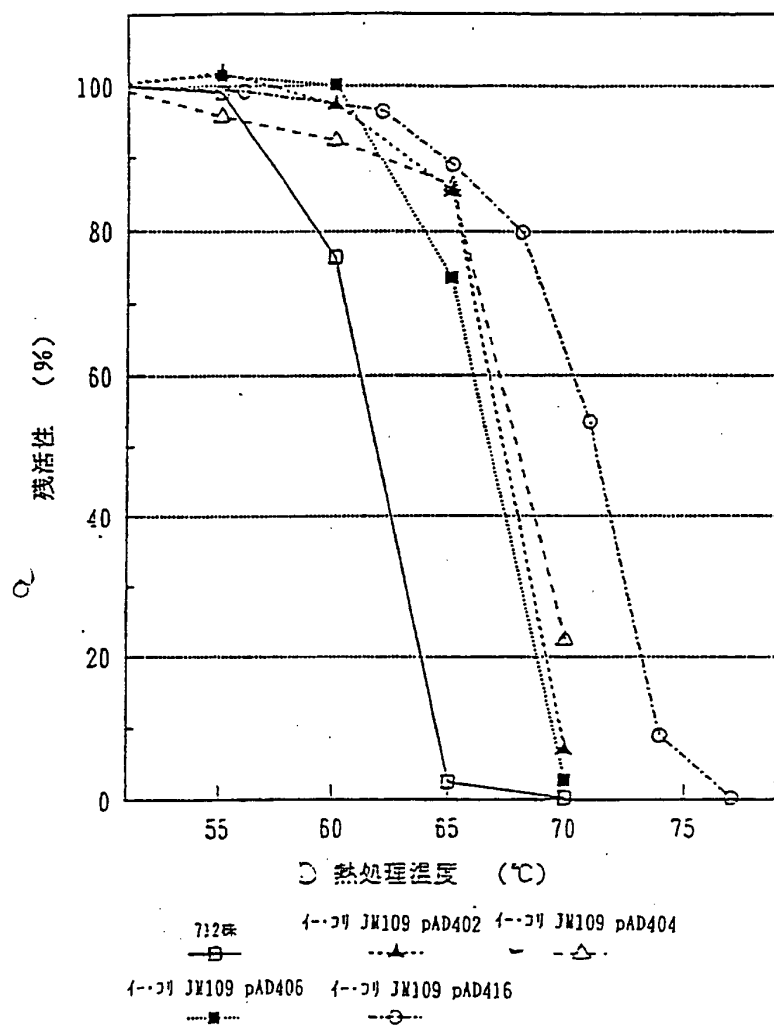
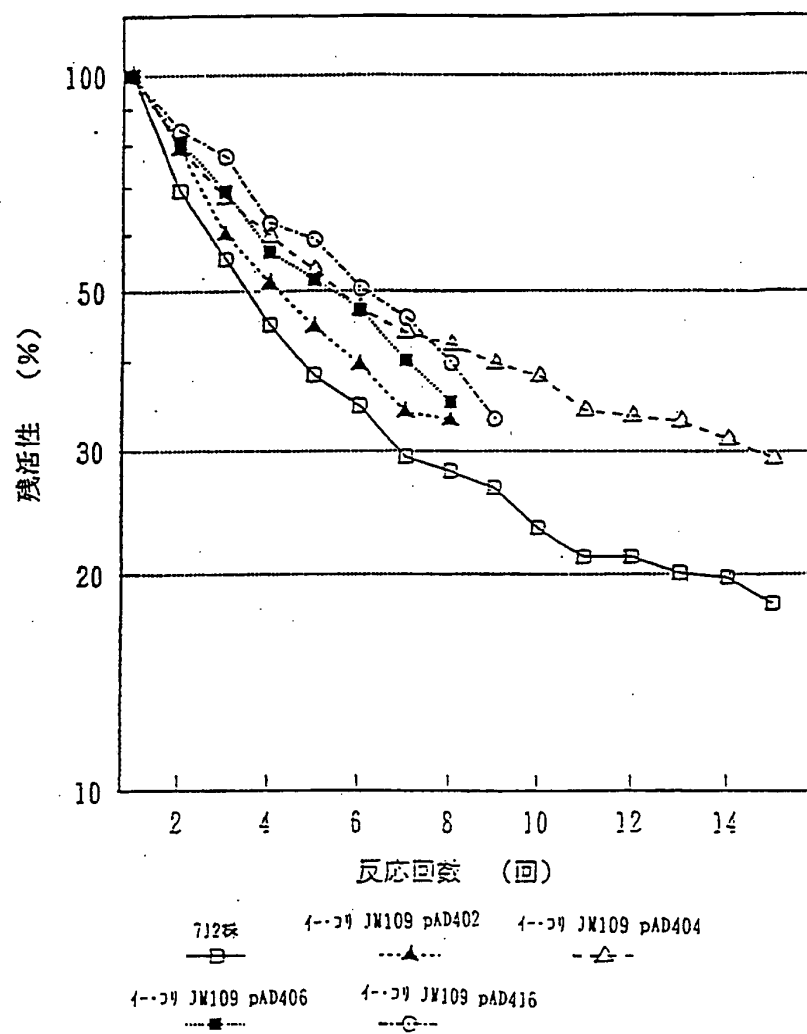
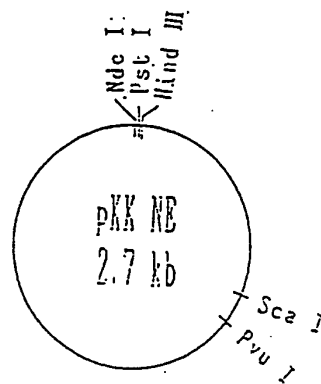
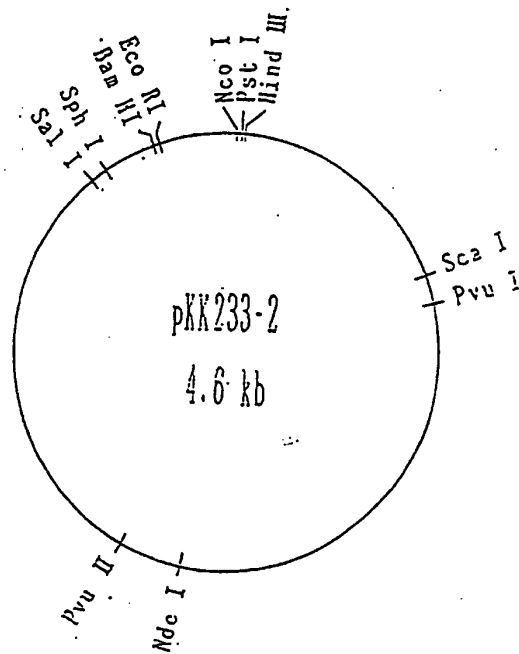


図 2



3



☒ 4

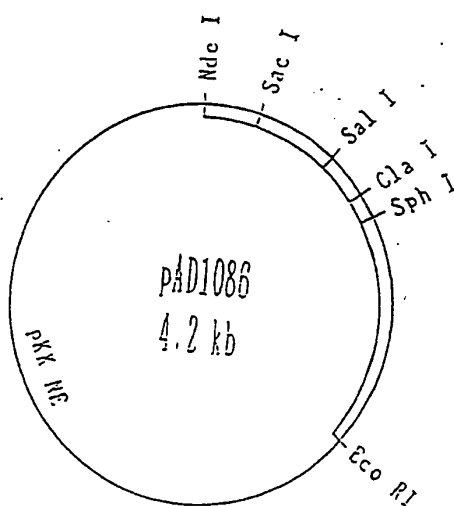
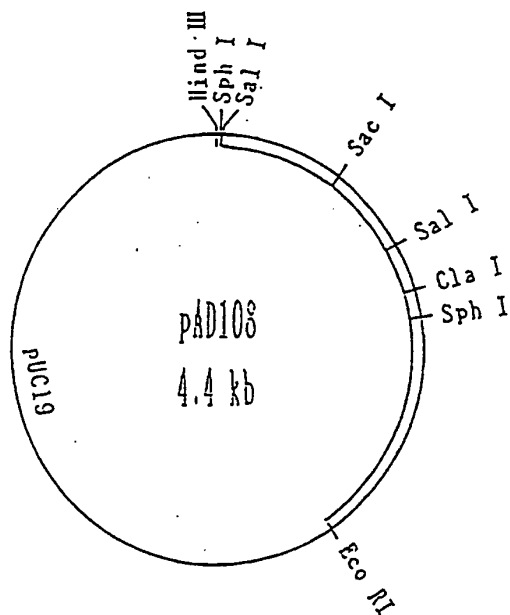


図 5

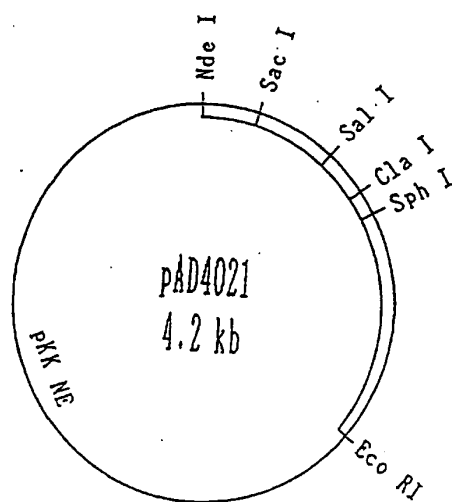
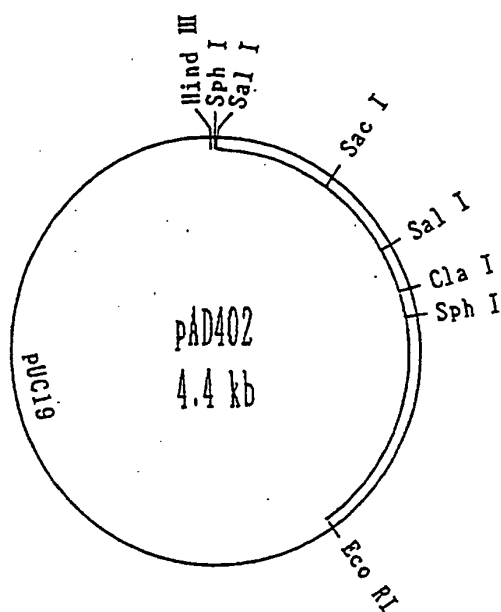


図 6

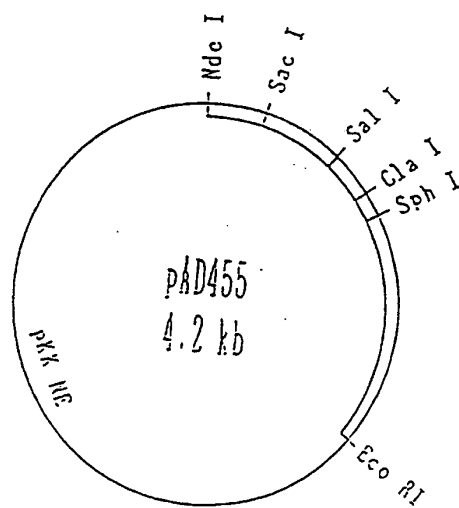
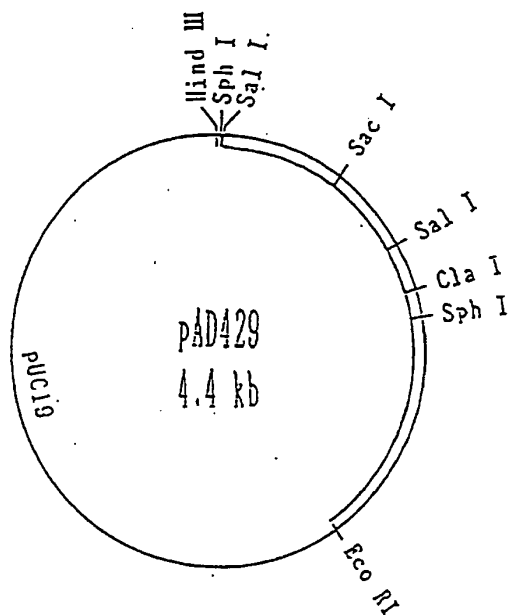


図 7

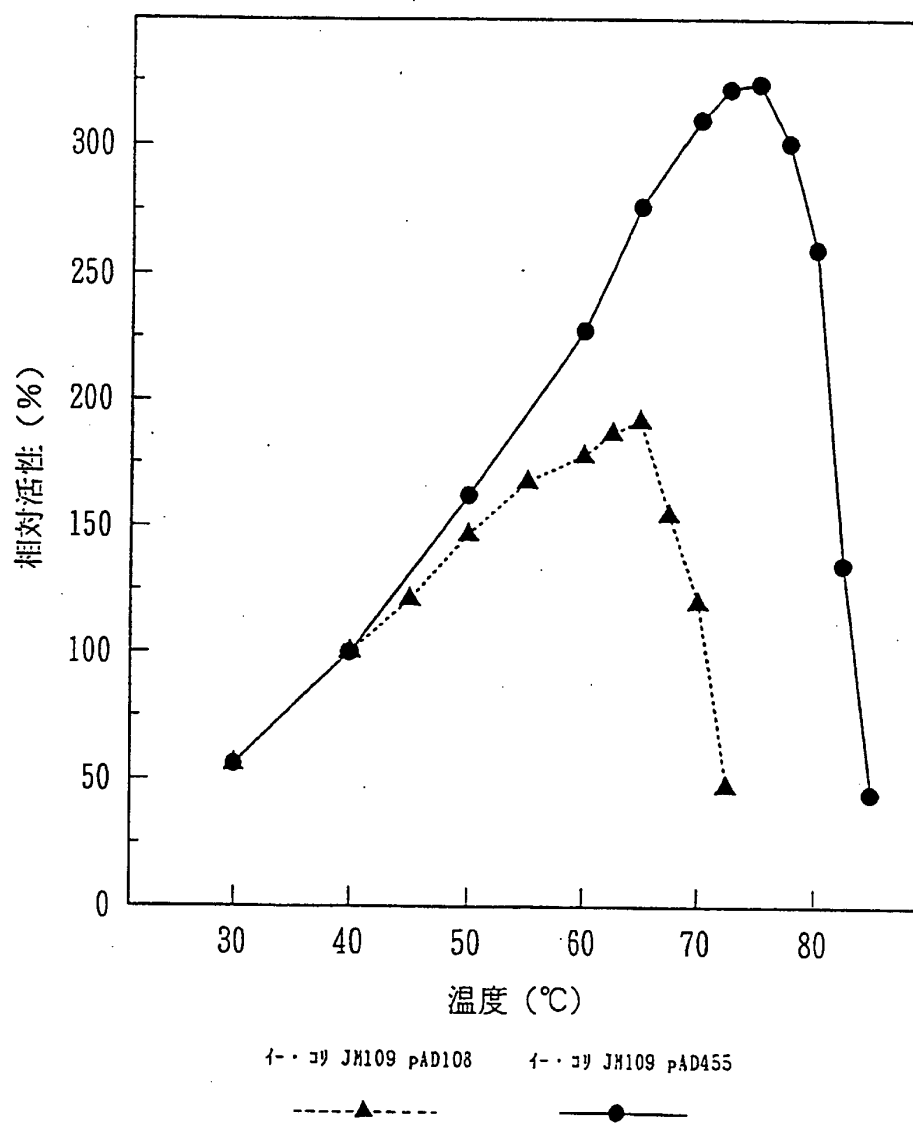
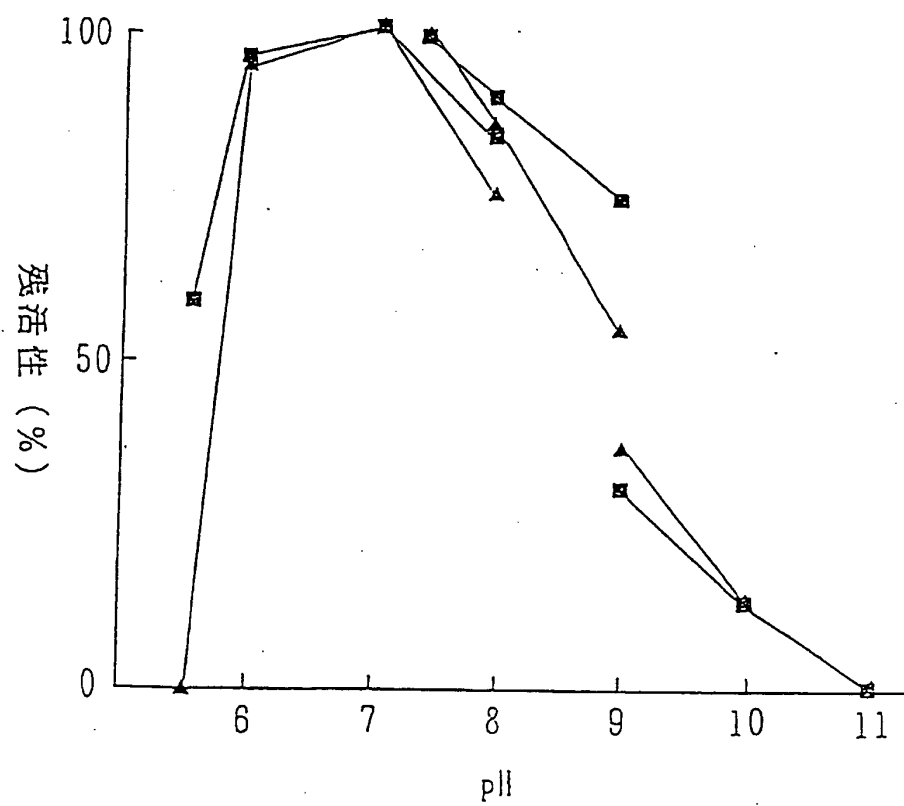




図 8



イ-コリ JH109 pAD416

イ-コリ JH109 pAD455

図 9

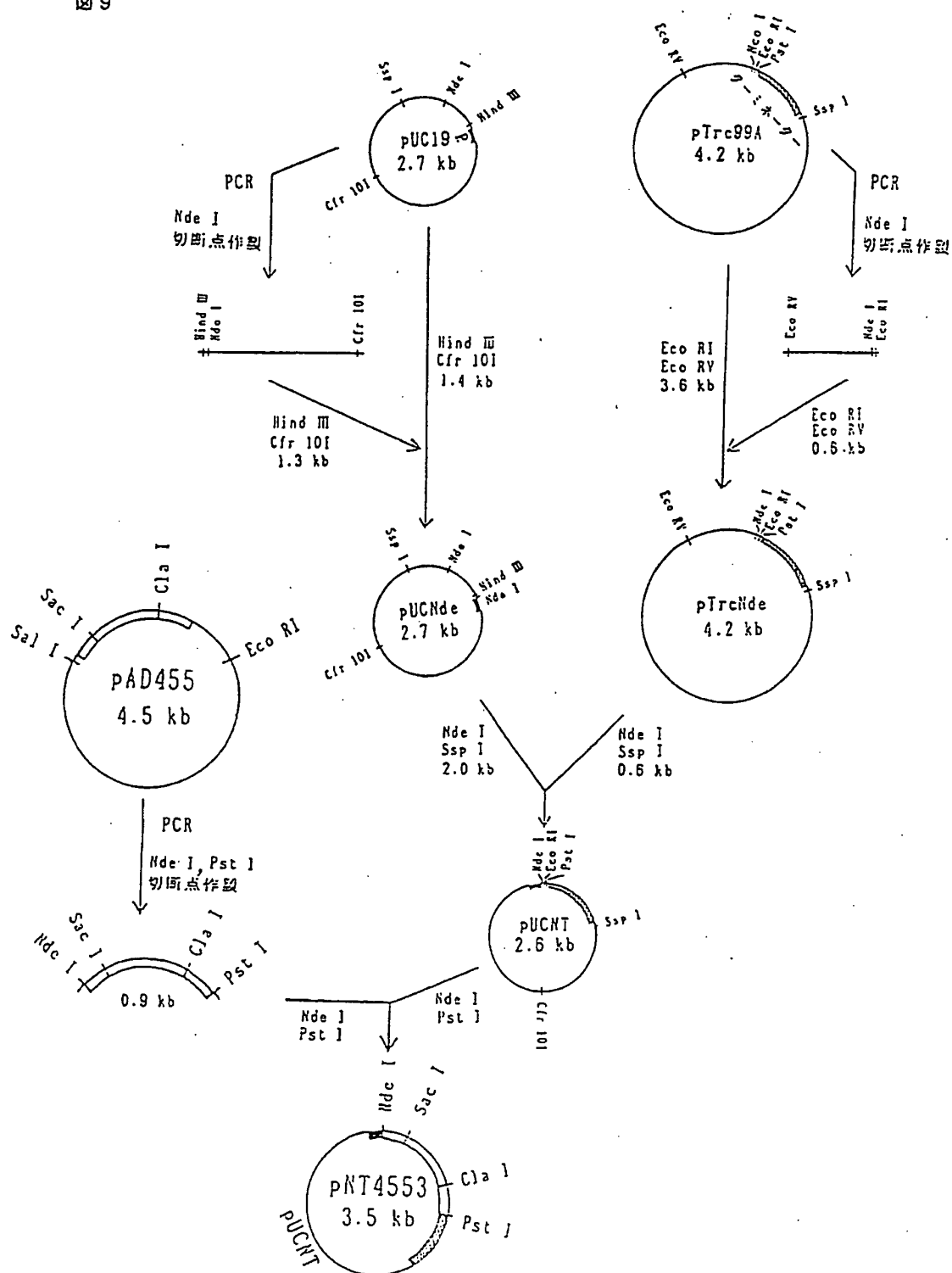


図 10

